

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54461 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01174 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGEWEBE (57) Abstract <p>The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.</p> (57) Zusammenfassung <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauritanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland		
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine Krebstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

- 10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

- 30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

- 40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 hybridisieren.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- 50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein

bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den
35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.
50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. ORF 561-575, 577-625, 630-635 aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert werden.

15 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Getherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis

Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen
- 10 hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer
- 15 eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

- 5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 10 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
- 15 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
- 20 N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
- X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

25 Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- 30 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

- 35 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- 40 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 45 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- 50 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 136 gefunden, die 15,6 .x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit		
	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.3166	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0281	0.2774	3.6055
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0118	0.0123	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0133	0.0164	0.8100	1.2346
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0197	0.0164	1.2066	0.8288
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1904	5.2530
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0240	0.0267	0.8985	1.1129
	Prostata	0.0044	0.0192	0.2275	4.3961
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0272	0.8417	1.1881
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0245			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0551			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0181			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0092	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duendarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0100	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0100	1.8679	0.5354
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917	1.6901
	Gehirn	0.0067	0.0205	0.3240	3.0866
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0102	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1114			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0256	0.3051	3.2777
	Brust	0.0090	0.0113	0.7939	1.2595
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0050	5.0944	0.1963
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0194	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0096	0.0041	2.3399	0.4274
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0330	0.2542	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.2111	0.0000	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
50							
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
65	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0412	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
20	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0170	0.3839	2.6051
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0031	3.8398	0.2604
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0680			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0038		0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0050		1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0022		0.0041		0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0048		0.0129		0.3676	2.7200
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0000		0.0020		0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0054		0.0000		undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000		0.0110		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0043		0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.1055		0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0479	0.1699	5.8845
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0036	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0118	0.0041	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0275	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0187	0.0164	1.1431	0.8748
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0301			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0102	0.0226	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0164	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0402			
	Gastrointestinal	0.0610			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Samenblase	0.0000	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000		
	Zervix	0.0000	0.0000		

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0103	0.0113	0.9163	1.0913
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0145	0.0123	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0185	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duennndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0072	0.6171	1.6205
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0207	0.5568	1.7960
	Duenn darm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0240	0.0260	0.9210	1.0858
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0180	0.0275	0.6553	1.5260
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0426			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	_Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0056	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0046	4.9700	0.2012
	Gehirn	0.0096	0.0082	1.1699	0.8547
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0628			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0137	1.7843	0.5604
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0188	0.2042	4.8982
	Duenn darm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0125	1.0868	0.9201
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0307	0.0275	1.1179	0.8945
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0286	0.1452	6.8893
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0110	1.0470	0.9551
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duenndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346	0.2542
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0059	0.0051	1.1519	0.8681
	Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0150	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0208	0.4317	2.3163
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0231	1.1597	0.8623
	Gehirn	0.0081	0.0123	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0554	0.5512	1.8143
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0149	0.2925	3.4192
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brüst	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0039	1.3611	0.7317
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duendarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0164	0.1905	5.2490
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0128	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0036	0.0094	0.4083	2.4491
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0128	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0230	1.0170	0.9833
	Brust	0.0269	0.0207	1.2992	0.7697
	Duennndarm	0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150	0.0572	0.2616	3.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0463	0.2899	3.4492
	Gehirn	0.0015	0.0092	0.1600	6.2504
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0966	0.0077	12.6053	0.0793
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1600	0.2059	4.8565
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145		
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669		
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef		
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
60	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0486	0.6423	1.5569
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0575	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
15	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
	Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
20	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0783			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit.				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0019	0.6905	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0092	0.8000	1.2501
	Haematopoetisch	0.0080	0.0758	0.1059	9.4460
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0114	0.0164	0.6985	1.4315
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0176	0.5822	1.7176
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
20	Niere	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0149	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.2111	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0383	0.7119	1.4047
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
	Duenn darm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0312	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0201	1.4434	0.6928
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0298	0.4469	2.2378
	Haematopoetisch	0.0281	0.0379	0.7411	1.3494
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0381	0.0259	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0191	0.1512	0.1262	7.9265
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0668	0.0420	1.5909	0.6286
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0066	0.0331	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.1600	0.0936	10.6842
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1240			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0383	1.0170	0.9833
	Brust	0.0102	0.0301	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0351	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0148	0.0226	0.6545	1.5279
	Haematopoetisch	0.0227	0.2273	0.1000	10.0016
	Haut	0.0367	0.1695	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0291	0.0470	0.6185	1.6169
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0153	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0840	0.8159	1.2257
20	Niere	0.0244	0.0685	0.3569	2.8022
	Pankreas	0.0116	0.0607	0.1904	5.2530
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.6332	0.0213	46.8633
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0867			
	Zervix	0.0639			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0464			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
20	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4093
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0204			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0116			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0060			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 141

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

2.2 Fisher-Test

- 5 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
- 10 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

Beispiel 3

20 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

- 35 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese
- 40 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_j (j : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_j > C_{j-1}$; Abbruchkriterium II).

- 45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

- 50 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

5 TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytopogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	unbekannt		1046		D2S174-D2S390
2	erhöht	Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene Polymerase protein	2x "CSD"	373	2p24-2p21	
3	erhöht	Homolog zu Human protein kinase C-binding protein RACK17		1571	1q32.1	D1S477-D1S504
4	erhöht	Homolog zu Human mRNA for KIAA0079		1789	10q21.3-q22.2	D10S537-D10S218
5	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T23B12	"BTB"	2361		
6	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid C01A2		1638	20q13.32-q13.33	D20S100-D20S173
7	erhöht	unbekannt		1034	12q12	D12S1589-D12S85
8	erhöht	unbekannt		947	17p11.2-p12	AFMa126yd5
9	erhöht	unbekannt		497		
10	erhöht	unbekannt		269		
11	erhöht	unbekannt		1717		
12	erhöht	unbekannt	"zf-C3HC4"	1419		
13	erhöht	unbekannt		671	2q37.3	D2S2704
14	erhöht	unbekannt		524		
15	erhöht	unbekannt		345		
16	erhöht	rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13		1060	7q33-7q36.1	WI-9353
17	erhöht	Rattus norvegicus neurtin		1721	6p23-p25.1	D6S1617-D6S1674
18	erhöht	Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase	"isodh"	2367	2q34	WI-1247
19	erhöht	Rat unr mRNA for unr protein with unknown function	2x "CSD"	1321	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
20	erhöht	Rat prostatic binding protein polypeptide c1		384		
21	erhöht	Rat GTP-binding protein (ral B)		367		
22	erhöht	R.norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit		2621	3q24-q25.2	D3S1570
23	erhöht	P. sativum mRNA for Cop1 protein	2x "G-beta"	2019	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
24	erhöht	P. falciptarum pfmdr1 gene		1866	18q12.1-q12.3	AFM164ya9
25	erhöht	ORF 5' of ECLF2... ECRF3=G protein-coupled receptor homolog		1189		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
26	erhöht	O.cuniculus lambda-crystallin mRNA	"3HCDH"	1418		
27	erhöht	Mus musculus flotillin		814		
28	erhöht	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase		3039	10q25.1-q25.2	D10S1465
29	erhöht	Mouse clathrin-associated protein (AP47)	"Adap_comp_sub"	1448		
30	erhöht	Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylcrotonyl-CoA carboxylase	"CPSase_L_chain", "biotin_req_enzy"	1394		
31	erhöht	Leucine aminopeptidase, bovine	"Peptidase_M17"	734		
32	erhöht	Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead)	2x "DEAD"	692		
33	erhöht	Human mammaglobin Homolog	"Uterogloblin"	517		
34	erhöht	Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X		322		
35	erhöht	Human DNA sequence from clone 230G1		1559		
36	erhöht	Human DNA sequence from clone 217C2		1072		
37	erhöht	Human Cosmid Clone 26a1	"RhoGAP"	454	22.q11.21-q11.23	D22S420-D22S446
38	erhöht	Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence		700	3p21.1	
39	erhöht	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid f21246		914		
40	erhöht	H.sapiens mRNA for Ptg-1 protein		1669	17q21.31-q21.33	D17S791-D17S797
41	erhöht	H.sapiens CpG island DNA genomic Mse1 fragment		355		
42	erhöht	H.sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line		2628	3q24	D3S3413
43	erhöht	Genomic sequence from Human 9q34		2535	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
44	erhöht	Drosophila melanogaster misato gene	"MYB_3"	805	1q21.2	D1S305-D1S506
45	erhöht	Chicken mRNA for vitellogenin I		1279		
46	erhöht	Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4		1923		
47	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		706		
48	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		749		
49	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK596		857	10q26.13	D10S212
50	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T26A5		268		
51	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T21G5		297		
52	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F56D5		590		
53	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F25D7		1714		
54	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F08C6		1340		
55	erhöht	C.botulinum bont (partial) and nth genes		765	3q24-q23	D3S3409

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
56	erhöht	Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3)	"complex1_4 9Kd"	1647		
57	erhöht	Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32)		1166		
58	erhöht	A. thaliana mRNA for RNA helicase		487		
59	erhöht	A. thaliana glycine-rich protein (clone atGRP-4)		1630	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
60	erhöht	Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19)	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1272	6q21	AFMa191wd1
61	erhöht	Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328	2x "DEAD"; "helicase_C"	1914	7p12.3-p13	D7S667-D7S2427
62	erhöht	S. pombe chromosome I cosmid c13D6		608		
63		Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain		2674	17q21.31-q22	D17S797-D17S788
64		Rattus norvegicus matrilysin (MMP-7) mRNA		326		
65		Rattus norvegicus Diphor-1	2x "PDZ"	888	1q12	D1S2669-D1S498
66		Human herpesvirus-7 (HHV7) J1, G protein-coupled receptor (GCR)		202		
67		Homolog zu Human synapsin I (SYN1)		1225	1p22.3-p31.1	WI-3099
68		Homolog zu Human PAX3 gene		1093		
69		Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXT2)		309	1p21.3-p22.1	D1S2166
70		Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4)		380		
71		Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor		1253		
72		Homolog zu H. sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase		439		
73		Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B		1252	4p11-q12	D4S1619-D4S1600
74		Caenorhabditis elegans cosmid T21D12	"WW DO-MAIN 2"	695		
75		Caenorhabditis elegans cosmid R107		2514	13q33.3-q34	D13S261-D13S293
76		Caenorhabditis elegans cosmid M04C9		274		
77		Bovine opsin	"7tm_1"	449		
78		unbekannt		346		
79		unbekannt		1329		
80		unbekannt		805		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium- Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
81		unbekannt		420		
82		unbekannt		2143	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
83		unbekannt		450		
84		unbekannt		408	17q23.1-q23.2	D17S1680
85		unbekannt		311		
86		unbekannt		487		
87		unbekannt		1902	11p12-p13	WI-6150
88		unbekannt		1048	1q42.11-q43	WI-9317
89		unbekannt		804		
90		unbekannt		581		
91		unbekannt		2042		
92		unbekannt		430		
93		unbekannt		592		
94		unbekannt		674		
95		unbekannt		324		
96		unbekannt		709	5p15.33	D5S1954
97		unbekannt		562		
98		unbekannt		1948	16p13.2-p12.3	D16S499
99		unbekannt		483		
100		unbekannt		437		
101		unbekannt		359		
102		unbekannt		501		
103		unbekannt		1102	1q23.1-q23.2	D1S445-D1S431
104		unbekannt		306		
105		unbekannt		2042		
106		unbekannt		320		
107		unbekannt		506		
108		unbekannt		1276		
109		unbekannt		373		
110		unbekannt	TPR_RE- PEAT*	492		
111		unbekannt		1678	6q21	D6S278-D6S302
112		unbekannt		866	9q22.1-q22.2	D9S1841-D9S196
113		unbekannt		1434	18q12.1-q12.3	D18S1124-D18S468
114		unbekannt		914	7q32.3	D7S686-D7S530
115		unbekannt		685	8p12-p11.23	D8S1821-D8S255

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
116		unbekannt		2646		
117		unbekannt		2667		
118		unbekannt		544		
119		unbekannt		1340	18p11.21	D18S471-D18S464
120		unbekannt		2376		
121		unbekannt		225		
122		unbekannt		1967	6q22.33-q23.1	D6S292-D6S1699
123		unbekannt		612		
124		unbekannt		1183	2q32.3-q34	D2S315-D2S2237
125		unbekannt		891	4q28.1-q31.1	
126		unbekannt		482		
127		Human triosephosphate isomerase mRNA		610		
128		Human ras inhibitor mRNA		2072	9q33.3-q34.11	
129		Human R kappa B		980		
130		Human putative interferon-related protein (SM15)		792		
131		Human protein trafficking protein (S31iii125)	2x "EMP24-GP25L"	1092	14q32.2-14q32.33	WI-9179
132		Human protein kinase C-binding protein RACK7		1523	20q13.13-q13.2	D20S957
133		Human gene for histone H1(0)	"linker-histone"	2241	22q13.1	
134		Human cathepsin B proteinase	"Cys-protease"	631		
135		Homo sapiens cathepsin B mRNA	"Cys-protease"	980		
136		unbekannt		2238	14q24.1-14q24.3	D14S277
137		H.sapiens XG mRNA		398		
138		H.sapiens mRNA for RAB7 protein	ras	1084	7q21.3-q22.1	D7S652
139		H.sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase		1259		
140		H.sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase		1938	1q22-q23.1	
141		H.sapiens IL-13Ra		1874	Xq23	
531		Verlängerung von Seq. ID No. 19	2x "CSD"	1708	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
532		Verlängerung von Seq. ID No. 23	2x "G-beta"	2128	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
533		Verlängerung von Seq. ID No. 25		2640		
534		Verlängerung von Seq. ID No. 32	2x "DEAD"	1245		
535		Verlängerung von Seq. ID No. 34		822		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium- Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
536		Verlängerung von Seq. ID No. 43		2703	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
537		Verlängerung von Seq. ID No. 44	"MYB 3"	2664	1q21.2	D1S305-D1S506
538		Verlängerung von Seq. ID No. 52		3888		
539		Verlängerung von Seq. ID No. 54		3304		
540		Verlängerung von Seq. ID No. 55		863	3q24-q23	D3S3409
541		Verlängerung von Seq. ID No. 59		1962	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
542		Verlängerung von Seq. ID No. 60	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1772	6q21	AFMa191wd1
543		Verlängerung von Seq. ID No. 65	2x "PDZ"	1009	1q12	D1S2669-D1S498
544		Verlängerung von Seq. ID No. 69		2834	1p21.3-p22.1	D1S2166
545		Verlängerung von Seq. ID No. 82		2319	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S257
546		Verlängerung von Seq. ID No. 84		2456	17q23.1-q23.2	D17S1680
547		Verlängerung von Seq. ID No. 87		2218	11p12-p13	WI-6150
548		Verlängerung von Seq. ID No. 88		2196	1q42.11-q43	WI-9317
549		Verlängerung von Seq. ID No. 93		701		
550		Verlängerung von Seq. ID No. 98		2214	16p13.2-p12.3	D16S499
551		Verlängerung von Seq. ID No. 108		1434		
552		Verlängerung von Seq. ID No. 111		2434	6q21	D6S278-D6S302
554		Verlängerung von Seq. ID No. 114		1457	7q32.3	D7S686-D7S530
555		Verlängerung von Seq. ID No. 126		741		

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
1	142
	143
	144
2	145
	146
	147
3	148
	149
	150
4	151
	152
	153
5	154
	155
	156
6	157
	158
	159
7	160
	161
	162
8	163
	164
	165
9	166
	167
	168
10	169
	170
	171
11	172
	173
	174
12	175

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
12	176
	177
13	178
	179
	180
14	181
	182
	183
15	184
	185
	186
	187
16	188
	189
	190
17	191
	192
	193
18	194
	195
	196
19	197
	198
	199
20	200
	201
	202
21	203
	204
22	205
	206
	207
23	208
	209
	210
24	211

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
24	212
	213
25	214
	215
	216
26	217
	218
	219
27	220
	221
	222
28	223
	224
	225
29	226
	227
	228
30	229
	230
	231
31	232
	233
	234
32	235
	236
	237
33	238
	239
	240
34	241
	242
	243
35	244
	245
	246

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	247
36	248
	249
37	250
	251
	252
38	253
	254
	255
39	256
	257
	258
40	259
	260
	261
41	262
	263
	264
42	265
	266
	267
43	268
	269
	270
44	271
	272
	273
45	274
	275
	276
46	277
	278
	279
47	280
	281
	282

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	283
48	284
	285
49	286
	287
	288
50	289
	290
	291
	292
51	293
	294
	295
52	296
	297
	298
53	299
	300
	301
54	302
	303
	304
55	305
	306
	307
56	308
	309
	310
57	311
	312
	313
58	314
	315
	316
59	317
	318

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	319
60	320
	321
	322
61	323
	324
	325
62	326
	327
	328
63	329
	330
	331
64	332
	333
	334
	335
65	336
	337
	338
66	339
	340
	341
67	342
	343
	344
68	345
	346
	347
69	348
	349
	350
70	351
	352
	353
71	354

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	355
	356
72	357
	358
	359
	360
73	361
	362
	363
74	364
	365
	366
75	367
	368
	369
76	370
	371
	372
77	373
	374
	375
78	376
	377
	378
79	379
	380
	380
	381
80	382
	383
	384
81	385
	386
	387
82	388
	389

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	390
83	391
	392
	393
84	394
	395
85	396
	397
	398
86	399
	400
	401
	402
87	403
	404
	405
	406
88	407
	408
	409
89	410
	411
	412
90	413
	414
	415
91	416
	417
	418
92	419
	420
	421
	422
93	423
	424
	425

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	426
94	427
	428
95	429
	430
	431
	432
96	433
	434
	435
97	436
	437
	438
98	439
	440
	441
99	442
	443
	444
100	445
	446
	447
101	448
	449
	450
102	451
	452
	453
103	454
	455
	456
104	457
	458
	459
	460
105	461

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	462
	463
106	464
	465
107	466
	467
	468
	469
108	470
	471
	472
109	473
	474
	475
110	476
	477
	478
111	479
	480
	481
112	482
	483
	484
	485
113	486
	487
	488
114	489
	490
	491
115	492
	493
	494
	495
116	496
	497

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	498
117	499
	500
	501
118	502
	503
	504
119	505
	506
	507
120	508
	509
	510
121	511
	512
	513
122	514
	515
	516
123	517
	518
	519
124	520
	521
	522
125	523
	524
	525
126	526
	527
	528
531	561
	562
	563
532	564
	565

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	566
533	567
	568
	569
534	570
	571
	572
535	573
	574
	575
536	577
	578
537	579
	580
	581
538	582
	583
	584
539	585
	586
	587
540	588
	589
	590
541	591
	592
	593
542	594
	595
	596
543	597
	598
	599
544	600
	601
	602

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
545	603
	604
	605
546	606
	607
	608
547	609
	610
	611
548	612
	613
	614
549	615
	616
	617
550	618
	619
	620
551	621
	622
	623
552	624
	625
554	630
	631
	632
555	633
	634
	635

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 142-528 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

10 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

15 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Uterustumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 622

25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1046 Basenpaare

35 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5   tcggaacgag ggatcaactaa tcaacaaaacc agcttttcggg gtctgacgag atccttgcc 60
    caggcctctc gaggtccaga cagccgcccc gcccgcctctg cgacgcagca gtgaatagtg 120
    tggtagctcc ttgtctcggt tcagggtccag acctccccgt cttccgctg ccctgaacgt 180
    caggcgacct caggacctg tgattggcgc ctgcccggc ggaccgtgac cgaggaaacc 240
    cctggaggga cttgggcatt ccttgggctc cgtgcctgtt cttcgtgctc ctttcggggc 300
    aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataaatgttt 360
10  gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgcaaag atactgggga gagataccaa 420
    tatcatcaag ccagaccaac agaagtctct tegtattgct cccacgggag ttccgtcttg 480
    tggaagtcca tgaccacccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag cccccacta 540
    tgctggacat cccctcagag ccatgtagtc tcaccatcca tacgattcag ttgattcagc 600
    acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagctcagc ccagaatcag cagcagacag 660
15  aagggtgtaa aactgaagag agtgaacctc ttccctcgtg ccctgggtca cctcctctcc 720
    ctgatgacct cctgccttta gattgtaaga atcccaatgc accattccag atccggcaca 780
    gtgaccgaga gagtgacttt tatcgtggga aaggggaacc tgtgactgaa ctcagctggc 840
    actcctgtcg gcagctctc taccaaggca gtggcacaaa tcctggccaa cggcgggctt 900
    ttgactgtgc taatgagagt gtcctggaag accctaactt gatgttggca catgagtatt 960
20  ggccttaaaag ttaccaaaag tttgctgcgt ttttgcgtgt gagcggaag cccgggtggg 1020
    agagacttcc ttttgccgaa tgtgat                                     1046

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 373 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

    cgaaggcaga gttcaacagg gatcttttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60
    tattgaattt atccatcagt taaccaggcc aattaagagc acacatggaa catcgaccat120
    tccacgggta tctcgtataa ccctcaagga caagccatag tggaacgttg cccattccac180
50  gcttaaaaaat atgctttaaa aaaaggggga atatgaataa ggaccctaca acactactag240
    cacaagtgtt attcaccctt aatttcttaa atttagataa ttaaatttcc aatcagccct300
    agaaaagcac ttttgcttaa aacctcccca ggtagcaagg ctttcagtgt tttgggaagg360
    tgtaatatgt atc                                     373

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```
25 ctgctctggc aaccaataga agctaggaga gggcggggac aactgggtct tttgcggtcg 60
cagcgggctt gtaggtgtcc ggctttgctg gccagcaag cctgataagc atgaagctct 120
tatcttttgt ggctgtggtc ggggtgttgc tgggtgcccc agctgaagcc aacaagagtt 180
ctgaagatat ccggtgcaaa tgcattctgc caccttatag aaacatcagt gggcacattt 240
acaaccagaa tgtatcccag aaggactgca actgcctgca cgtgggtggag cccatgccag 300
tgcttgcca tgacgtggag gcctactgcc tgctgtgcga gtgcaggtac gaggagcgca 360
30 gaccaccacc atcaaggtca tcattgtcat ctacctgtcc gtggtgggtg ccctgttgc 420
ctacatggcc ttcctgatgc tgggtggacc tctgatccga aagccggatg catacactga 480
gcaactgcac aatgaggagg agaagtagga tgctcgctct atggcagcag ctgctgcac 540
cctcggggga ccccgagcaa acacagtcc ggagcgtgtg gaaggtgcc agcagcgggtg 600
gaagctgcag gtgcaggagc agcgggaagc agtcttcgat cggcacaaga tgctcagcta 660
35 gatgggctgg tgtggttggg tcaaggcccc aacaccatgg ctgccagctt ccaggctgga 720
caaagcaggg ggctacttct ccttccctc ggttccagtc ttccctttaa aagcctgtgg 780
catttttctt ccttctccct aactttagaa atgttgtaact tggctatatt gattagggaa 840
gagggatgtg gtctctgac tccgttgtct tcttgggtct ttggggttga agggaggggg 900
aaggcaggcc agaaggaat ggagacatt gaggcggcct caggagtga tgcatctgt 960
40 ctctcctggc tccactcttg ccgccttcca gctctgagtc ttgggaatgt tgttaccctt 1020
ggaagataaa gctgggtctt caggaactca gtgtctggga ggaaagcatg gccagcatt 1080
cagcatgtgt tctttctgc agtggttctt tatcaccacc tccctcccag cccagcgcc 1140
tcagccccag cccagctcc agccctgagg acagctctga tgggagagct gggccccctg 1200
agccactgg gtcttcaggg tgcactggaa gctggtgttc gctgtccct gtgcacttct 1260
45 cgactgggg catggagtgc ccatgcatac tctgtgccg gtccctcac ctgcacttga 1320
ggggtctggg cagtccctcc tctcccagt gtccacagtc actgagccag acggctgggt 1380
ggaacatgag actcagggt gagcgtggat ctgaacacca cagccctgt acttgggtg 1440
cctctgttcc ctgaacttc ttgtaccagt gcatggagag aaaattttgt cctctgttct 1500
tagagttgtg tgtaaatcaa ggaagccatc attaaattgt tttatttctc tccaaaaaaa 1560
50 aaaaaaaaaa a 1571
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1789 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

20 agaccatgct ggaaaaaatt ccaaaggaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60
gttttatcac atataacaaa gttctccatt tctttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120
ctcagatgat gggggtgact gatgttgag aagtccttgt tcctttgttg gatggttcc 180
ttgtcaacta tcaagaatcc caatctgtga ttcataattt gttggaccag attccagaca 240
tgtttgacaga ctctaataa aatgagactg tctttgctcc tgtcatccag gctggcatgg 300
25 aagcactaaa ggcagcagac tgtcctggga agctgttcat ctccattct tccttgccaa 360
ctgctgaagc accaggggaag ctcaaaaaaca gagatgacaa aaaactgggt aatacagaca 420
aagagaagat acttttccag ccccaaacaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgcg 480
tggtccaccg gctgctctgt gacactcttc ctctttccta gtcagtatgt ggacgtggcc 540
tcgctggggc tggttcctca gctcactgga ggaacccttt acaaatataa caatttccag 600
30 atgcacttgg atagacaaca atttttgaac gacctcagaa atgatattga aaagaaaata 660
ggctttgatg ctattatgag ggctcgtacc agcacagggt tcagagccac tgatttcttt 720
ggtggaatct tgatgaacaa caccaccgat gtagaaatgg ctgccatcga ttgtgacaag 780
gcagtgcacc tggagttcaa gcacgatgac aaactcagtg aagacagtgg agccttaatc 840
cagtgtgctg tgctttacac gacaatcagt ggtcaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900
35 ggcttaaaact gcagctctca gctagctgat ctttataaga gctgtgagac agatgctctt 960
atcaacttct ttgccaaagt gccttttaaa gcagttctcc accagccttt gaaggctcatc1020
cgggaaatcc tagttaatca gactgcccac atgttggcat gttaccgga gaattgtgca1080
agtccttctg cagcaagcca gcttattcta ccagattcca tgaaagtatt gccagtgtac1140
atgaattgct tgttgaaaaa ctgtgtacta ctacgcagac cagagatctc aactgatgaal200
40 cgagcatacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gctttcttc1260
taccacaac ttctgcccac acacacgtta gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgcc1320
gttcgttgct ctgagtcctg tctttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatgggtcta1380
cacatgttcc tgtggttggg agtaagcagc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaata1440
gtgccatctt ttgcacatat caacacagat atgacattgc tgcctgaagt gggaaaccca1500
45 tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg1560
aagctcacia ttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg ttttccgaca gttcctggta1620
gaagacaaag gactttacgg aggtcttctc tatgtggatt tcctttgttg tggtcacaag1680
gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccggg caatggaggt tgcgttgcca1740
gggggggaaa agcccctttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare
55 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

20  gggccagccg gctcgcccg gggccatggc agcagcggt actgcagccg aggggggtccc 60
    cagtcggggg cctcccggg aagtcaccca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagtac 120
    ctctcgccag actctcacct ggatcccaga ctcttcttc tccagtcttc tgagcggacg 180
    catctcgacg ctgaaagatg agaccggagc aatcttcac gacagggacc ctacagtctt 240
    cgcccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagttggat cccaggggtg tccacgggtc 300
    cagcctcttc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctgggttcgtc gcctgcagct 360
25  tcgagaggag ttggatcgat cttcttgttg aaacgtcctc tcaatggtt acctgccgcc 420
    accagtgttc ccagtgaagc ggcgggaacc gcacagccta gtggggcctc agcagctagg 480
    aggacggcca gcccctgtcc gacggagcaa cacgatgccc cccaaccttg gcaatgcagg 540
    gctgtcgggc cgaatgctgg atgagaaaac ccctccotca cctcaggac aacctgagga 600
    gccggggatg gtgcgcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgtgtgtg cctataccca 660
30  gtttctagtc tgctacaggt tgaaggaagc ctctggcggg cagctggtgt ttccagccc 720
    ccgcctggac tggcccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tgggtgggct 780
    ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gcgagatcct gctatgggct 840
    ctgcaggcgg aaggcgggtg ctccgagata ggggtcttcc atctgggggt gcctgtggag 900
    gccttgttct tcgtcgggaa ccagctcatt gctacaagcc acacagggcg catcggggtg 960
35  tggaatgccg tcaccaagca ctggcaggtc caggaggtgc agcccatcac cagttatgac1020
    gcgcgaggct ccttctcctc cctgggctgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg1080
    cagaagttcc ccttgccgat gaaagacaac gacctccttg tcagcgagct ctatcgggac1140
    ccagcggagg atggggtcac cgccctcagt gtctacctca cccccaagac cagtgcagct1200
    gggaaactgga tcgagatcgc ctatggcacc agctcagggg gcgtgcgggt catcgtgcag1260
40  caccgggaga atgtgggctc ggggcctcag ctctccaga ccttcactgt gcaccgagc1320
    cctgtcacca agatcatgct gtccgagaag cacctcatct cagtctgtgc cgacaacaac1380
    cacgtgcgga catggtctgt gactcgcttc cgcggcatga ttccacca gcccggctcc1440
    accccactcg cttcctttaa gatcctggct ctggagtcgg cagatgggca tggcggctgc1500
    agtgctggca atgacattgg ccctacggt gagcgggacg accagcaagt gttcatccag1560
45  aaggtggtgc ccagtgccag ccagctcttc gtgcgtctct catctactgg gcagcgggtg1620
    tgctccgtgc gctccgtgga cggctcacc acgacagcct tcacagtgtc ggagtgcag1680
    ggctcccggc ggctcggctc tcggcccgcg cgtacctgc tcaactggca ggccaacggc1740
    agcttgacca tgtgggacct aaccaccgcc atggacggcc tcggccaggc ccctgcaggt1800
    ggctgacgg agcaagagct gatggaacag ctggaacact gtgagctggc ccgcgggct1860
50  ccttcagctc cctcatgggg ctgtctcccc agccctcac cccgcatctc cctcaccagc1920
    ctccactcag cctccagcaa cacctccttg tctggccacc gtgggagccc aagcccccg1980
    caggctgagg cccggcgccg tgggtggggc agctttgttg aacgtgcca ggaactggtg2040
    cggagtgggc cagacctccg acggccaccc cgtggccctc cagcgggtctc2100
    ggcaactccc tcacacctcc caagatgaag ctcaatgaaa cttccttttg aacaacgcag2160
55  ctgccatgat gccttgggat gccctggctc tgggggactc aggtgcctcc ctgattcctg2220
    tgggaacccc gggttcaggg ccagggcctc cttggaataa atggttattg ttactaggtc2280
    cccaccttcc ctcttttctg gaagccaaag tcaccctccc caataaagtc ctactgccca2340
    aaaaaaaaaa aaaaaaaacc g                                     2361
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

25

ggctgcggat ttgcgcggaa atcccggaa tgacagcttt gggggtttgc tgctggctct 60
gactcccgtc ctgcgatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactggtg 120
aaggggccga agaaggttga gaaggtcgac aaagatgctg aattagtggc ccaatggaac 180
tattgtactc taagtcagga aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240
30 ctttataaca aagatgccgt cattgaattt ctcttgaca aatctgcaga aaaggctctt 300
gggaaggcag catctcacat taaaagcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360
aatcctgcct gggaagggga taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacctccag 420
cgggcgcgtt tcatctgccc cgttgtgggc ctggagatga acggccgaca caggttctgc 480
ttccttcggt gctgcggctg tgtgttttct gagcgagcct tgaaagagat aaaagcggaa 540
35 gtttgccaca cgtgtgggc tgccctccag gaggatgatg tcatcgtgct caatggcacc 600
aaggaggatg tggacgtgct gaagacaagg atggaggaga gaaggctgag agcgaattgg 660
aaaagaaaac aaagaaaccc aaggcagcag agtctgtttc aaaaccagat gtcagtgaag 720
aagccccagg gccatcaaaa gttaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780
gagagaagaa aaccaacttg gctcccaaaa gcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840
40 aagctgggaa gcctccgtgt ggagccaca agaggtccat cgctgacagt gaagaatcgg 900
aggcctacaa gtccctcttt accactcaca gctccgcaa gcgctccaag gaggagtctg 960
cccactgggt caccacacag tcctactgct tctgaagccc gcactgccac cgctcctgcc1020
ccagaaggtt gtttagtttc cacgtaggca ggtcgttttg tgctctgag tgctgctgctg1080
tgtgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtcctgg ccagcettca agctgggtgtg1140
45 gccactcttg atgtgaggcg tgtcggttcc aggggggaca tgggaggggc tgcacagtgg1200
cccagaggtca tgcttgcttc cacctgcagg tgcatttggc cctttccatg gccaggaagc1260
cctgtgggct gcacttttta tgcttgagc aacaagagac tcacagagtcc tcaccggtgc1320
agagttagca catattaatt aactaaaatt ctaatgatct tgctaccagc aataaatcaal380
gtaggccaag tgaaactggg ctttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgcccactag1440
50 aagcttcgaa gggcctcgtc cctctgttac agccctggga ggagccagga tccttggtgg1500
tctagctaaa tactgttagg ggagtgtgcc ccattctcatc atttcgaaga tagcagagtc1560
atagttgggc acccgggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaa1620
aaaaaaaaa aaaaaaaa 1638

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1034 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

25 cgccctgcgcg ctgagtgcggt gccgctccgc cgaccgaaga ggctggacat gacaccagtg 60
   gcatatcacg gccatgggggt ctcagcattc cgctgctgct cgccccctct cctgcaggcg 120
   aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gagcaggaag aagccattgc 180
   tcagttccca tatgtggaat tcaccgggag agatagcatc acctgtctca cgtgccaggg 240
   gacaggctac attccaacag agcaagtaaa tgagttgggt gctttgatcc cacacagtga 300
   tcagagattg cgccctcagc gaactaagca atatgtctc ctgtccatcc tgctttgtct 360
30 cctggcatct ggtttgtggt ttttcttct gtttccgcat tcagtccttg tggatgatga 420
   cggcatcaaa gtggtgaaag tcacatttaa taagcaagac tcccttgtaa ttctcaccat 480
   catggccacc ctgaaaatca ggaactccaa cttctacacg gtggcagtga ccagcctgtc 540
   cagccagatt cagtacatga acacagtggg gaattttacc gggaaggccg agatgggagg 600
   accgttttcc tatgtgtact tcttctgcac ggtacctgag atcctgggtc acaacatagt 660
35 gatcttcatg cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcatgaccc agagctcctt 720
   ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgctatt 780
   ggttcttcca cacagcgctt gtagaagaga gcacagcata tggtcccaag gcctgagttc 840
   tgggacctac cccacagtgg gtgttaaggc agaggggaag aattggttca ctttaacttc 900
   ccaggcaaac attcctcctg gccacttagg gagggaaaca ccttcctat gggttaccat 960
40 ttgttggttg ttcaggaacc aggcggattc agttgcctag gcgtgttgcc ccagcaatta 1020
   gtttgggcat tgca                                     1034

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 947 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

```
15 cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60
ctacaccatg caccctgacca catttgtgcaa cacgtgattg gacaacccaa cccagagaaa120
caaggatcag ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180
ggtggaggag cccgagacat tagtggaact tcaaaggaaat gagtgggac caatcatcga240
atgggctgag aaaagatacg gcgtggagat cagctcctcc accagcataa tgggacccag300
catccctgcc aaaactcggg aggtgctcgt cagccacctg gcatcttaca acacatgggc360
20 tttaacaggg attgagtttg tagctgcccc gctcaagtec atggtgctaa ccttgggcct420
gattgacctg cgcctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggagta480
ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggcccatgac tatgagctgc aggagctgcg540
ggcccgcacc gccgcggca cctcttcat ccactctgc tccgagagca ccacagtcaa600
gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagagcacac tcagcaggat agaggcagt660
25 cagccacagc tcccccgccc ttcagggtc cccagcctgt ggggctggct tccttggctt720
ttggggactc ggctcagcg tcaccctgag attcccccg agacacagtg cgctagtacg780
gctgtccgga ggtcagcctg atttcaaccc aggtgccctt ggccctggcca gcagtgaatg840
taggagatga attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900
30 ccctggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 947
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 497 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

ctcgtggcga gagactgaga taaaagagca actcactgaa cacctttgta cgatcataca 60
gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagtt ggaggagttag atgcaacaac tagatgtaga120
agccgatgaa gagacttttg agcttgaggt ggaggtcgag agattgctac acgaacaaga180
5 agtagaatca aggagaccag tgggttcgttt agagaggcca tttcagcctg cggaggagag240
tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttcccaaaa300
ggtagatgac cagtgtggaa attccagtag catccccttt cttagtccaa actgccccaaa360
tcaagaaggt aatgacattt cagctgcttt ggccacatga agttctggta ttcttttgag420
ctaatatggt attgagtaaa gtatactttt tgcagtagat catgccctga cctccaataa480
10 aaacctcttt aaaacaa 497

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 269 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

cggggagagg tgggctgggc tgcaggctct ggcgttgtgc tggatcatcg cgcccgact 60
ctgaagtttt ctccgtggcg ctcccttgaga ggggttcctc ctgcatcttg agaataattt120
gcatttcggc tcccttctct tctcgtgcc atcggatgcc ccaaataagg cctgtccctt180
40 cggatgaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcagggtca gagtccaagt acagatgagc240
ttgagagggg ttctgaaatg caacggccc 269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1717 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```
15 attctaggac caacactcct gtggagacgt ggaaagggtc caaaggcaaa cagtcctata 60
   cctacatcat tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccctccag aggaccactt 120
   ttcatgaggc aagcaggaag tacaccaatg acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
   ccaatggtat gaattggcgtg gcctcctact gccgtccctg tgccctagaa gcctctgatg 240
   tgggctcctc ctgcacctct tgtcctgctg gttactatat tgaccgagat tcagggaacct 300
   gccactcctg cccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggg gtccaggcct 360
20 gtgtgccctg tgggtccaggg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
   gcaccttctc acgcaacact ccaaccagga ctttcaacta caacttctcc gctttggcaa 480
   acacggtcac tcttgctgga gggccaagct tcacttccaa agggttgaaa tacttccatc 540
   actttaccct cagtctctgt ggaaaccagg gtaggaaaat gtctgtgtgc accgacaatg 600
   tcactgacct ccggattcct gaggggtgagt cagggttctc caaatctatc acagcctacg 660
25 tctgccaggc agtcatcatc cccccagagg tgacaggcta caaggccggg gtttctcac 720
   agcctgtcag ccttgctgat cgacttattg ggggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780
   tcacctcccc agctgaactt ttccacctgg agtctctggg aataccggac gtgatcttct 840
   tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900
   tcagggtcag tcacacagaaa actgtccctg gaagtttgct gctgccagga acgtgctcag 960
30 atgggacctg tgatggctgc aacttccact tcctgtggga gagcgcggct gcttgccgcg 1020
   tctgtcagtg ggtgactac catgctatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga 1080
   ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctggtgg catttctctg cctgagcaga 1140
   gagtcaccat ctgcaaaaacc atagatttct ggctgaaagt gggcatctct gcaggcacct 1200
   gtactgccat cctgctcacc gtcttgacct gctacttttg gaaaaagaat caaaaactag 1260
35 agtacaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag 1320
   ctgacagctg cgccatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacctcatc ttaccagca 1380
   agaagtcact ctttggaag atcaaatcat ttacctcaa gaggactcct gatggatttg 1440
   actcagtgcc gctgaagaca tcctcaggag gccagacat ggacctgtga gaggcactgc 1500
   ctgcctcacc tgctcctca ccttgcatag cacttttgca agcctgcggc gatttgggtg 1560
40 ccagcatcct gcaacaccca ctgctgaaa tctcttcatt gtggccttat cagatgtttg 1620
   aatttcagat ctttttttat agagtacca aacctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc 1680
   caaatatacc cacactttgt ttgtaaatta aaaaaaa 1717
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1419 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

ggcagaggta ttacctgaaa acttaaaaga aggcctgaag gaatcttcct ggagttcatt 60
accatgtact aaaaacagac cttttgattt tcattcagtg atggaagagt ctcagtcctc 120
caatgaacct agcccaaagc agagtgaaga aataccagag gtcacttcag agcctgtcaa 180
15 aggaagctta aaccgtgctc agtcagcaca gtctataaat tcaacagaaa tgccctgccag 240
agaggactgt ttgaaaaaag agtgcctca gaacctgttc tgtcagttca agaaaaaggt 300
gttctgctga aaagaaagt gtctctttta gaacaggatg tgattgtaaa tgaagatgga 360
agaaataagc tgaaaaaaca aggagaaact cccaatgaag tctgtatgtt ttccttagct 420
tatggtgata ttccagaaga attaatcgat gtctcagatt tcgagtgttc tctctgcatg 480
20 aggttggttt ttgagccagt aacaaccct tgccgacatt cgttctgtaa gaattgtctt 540
gagcgttggt tagatcatgc accatattgt cctcttgca aagaaagctt aaaagagtat 600
ctagcagata ggaggtactg tgtcacacag ctggtggaag gaattaatag tgaagtatct 660
gcctgatgaa ctgtctgaga gaaaaaaat atatgatgaa gaaactgctg aactctcaca 720
cttgaccaag aatgttccaa tatttggttg cactatggcc taccocactg tgccctgccc 780
25 tctccatgta tttgagccaa gatacagatt gatgattcga agaagtatac agactggaac 840
caaacagttt ggcatgtgtg tcagtgtatg acaaaatagt tttgcagatt atggttgtat 900
gttacaaatt agaaacgtgc atttcttacc ggacggaagg tctgtggttg atacagttgg 960
aggaaagcgg tttagggttt taaaaagagg aatgaaagat ggatattgca ctgccgacat1020
tgaatatctg gaagatgtta aggttgagaa tgaagatgag attaagaatc tcagagagct1080
30 tcatgatttg gtttactctc aagcctgcag ctggtttcag aatttaagag acagatttcg1140
aagccaaatt cttcagcatt tcggatcaat gcccgagagg agggaaaacc ttcaggcagc1200
ccctaattga cctgcatggt gttggtggct tcttgagtt ctccctgtag acccacgata1260
ccagctgtcg gttttgtcaa tgaagtcttt gaaagaacgg ttgaccaaga tacagcatat1320
actgacctat ttttctagag accaattcta agtaactaac tctttgggat cttccctttg1380
35 aaagttgacc cctaattctt gggctgccat ttggttggg 1419

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5
agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgtg 60
aaggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgcagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggaag180
gaggaaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
10 cccatgaaag ctgtgggact ggctggggcc atcggttcc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttg gtctgggtg cagacctgag gagcgtgcg accctcctag480
gctattgact gttaagtct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
15 ccagaggcg catgaagccc aggtgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaaagg caataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaagtcgac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 524 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

aagtgttctc agatgctgat gtttgtaagg tcccgggtgg gccatgagga agaagaggag 60
ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctctttgatg catgaacaag atttgaaaat120
45 ctcaagcctg taaagaatac cctgtctatt taaataaagc tcataccaag aggtaacatt180
ttgccccggg ccaaattcag ggggtctagt cctgcattc ctttgaggca aaaaataaat240
gggctatgac tggttaaatg tccaaaagggt gaattctcat ttcatcaca caaagacaga300
tttgcgcat cactcaagca gaatgtggcc atgaatattc agccccgtgca tacatacaaa360
gatgtacgca tgattcccc caccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac420
50 atgcacacac gcgctgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacacat480
gcacacatgc acacacgtgc acacatgcac acacggacac actt 524

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 345 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```
aaactttctt tctacaaaa atcaaaagct tagctgatag atcatgaaa tagattatga 60
acagtgaat tcctgagaag gctgaaagt cggggaacca aagcagggga gattagcctt120
agtcgggagg agggagaagc agatggaagt cagcagcctg ccttgttttt acgtgtaata180
tttaaatgtg caaatgtat tacaggagg cctactttct gtttttatca agagtttttc240
ttttgttcaa agacactggt tatgggaata ttttgaaagg gtaagaaacg ctggtataaa300
aaggtgttgc agattaattt tgaaggtcct tacggaacca gtccc 345
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1060 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```
5  ggcgggtccca ggcaggccca gaagctgggc agcctctgcc gggttccggg aaaaggagct 60
   cctgctgcca ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120
   tcttctatga cgtgctgtcc ccctactcct ggctgggctt cgagatcctg tgccgggtatc 180
   agaatatctg gaacatcaac ctgcagtgtg ggcccagcct cataacaggg atcatgaaag 240
   acagtggaaa caagcctcca ggtctgtctc cccgcaaagg actatacatg gcaaatagact 300
   taaagctcct gagacaccat ctccagattc ccatccactt cccaaggat ttcttgtctg 360
   tgatgcttga aaaaggaagt ttgtctgcca tgcgtttcct caccggcgtg aacttggagc 420
10 atccagagat gctggagaaa gcgtcccggg agctgtggat gcgcgtctgg tcaaggaatg 480
   aagacatcac cgagccgcag agcatcctgg cggctgcaga gaaggctggt atgtctgcag 540
   aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgccaaa ggtgaagaac cagctcaagg 600
   agaccactga ggcagcctgc agatacggag cctttgggct gccatcacc gtggcccatg 660
   tggatggcca aaccacatg ttatttggct ctgaccggat ggagctgctg gcgcacctgc 720
15 tgggagagaa gtggatgggc cctatactc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780
   cggaggaagc aaactcttcg tataaaaaaa gcaggccatc tgcttaacct ttggctccac 840
   cataaggcac tgggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggccctggga 900
   gctgtctgtc ttccctctac cccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960
   gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gcccattc tgctttccca 1020
20 caaataaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaaaaaa 1060
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```
45 ctctctctct tctgtctct tctcgtctcc ctctctttct ctctccctc tgccttccca 60
   gtgcataaag tctctgtcgc tcccggaact tgttggaat gcctatttt tggctttccc 120
   ccgcgttctc taaactaact atttaaaggt ctgcggtcgc aaatggtttg actaaacgta 180
   ggatgggact taagtgaac ggcagatata ttctactgat cctcgcggtg caaatagcgt 240
10 atctggtgca ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgatgc ggtcttcaag ggcttttcgg 300
   actgtttgct caagctgggc gacacatggc caactaccg caggcctgga cgacaagacg 360
   aacatcaaga ccgtgtgcac atactgggag gatttcaca gctgcacggt cacagccctt 420
   acggattgcc aggaaggggc gaaagatatg tgggataaac tgagaaaaga atccaaaaac 480
   ctcaacatcc aaggcagctt attcgaactc tgcggcagcg gcaacggggc ggcggggtcc 540
55 ctgctcccgg cgttcccgtt gctcctgggt tctctctcgg cagctttagc gacctggctt 600
   tccttctgag cgtggggcca gctccccccg cgcgcccacc cacactcact ccatgctccc 660
```

```

ggaaatcgag aggaagatcc attagttctt tggggacgtt gtgattctct gtgatgctga 720
aaacactcat ataggattgt gggaaatcct gattctcttt tttatttcgt ttgatttctt 780
gtgttttatt tgccaaatgt taccaatcag tgagcaagca agcacagcca aaatcggacc 840
tcagcttttag tccgtcttca cacacaaata agaaaacggc aaaccacccc cattttttaa 900
5 ttttattatt attaatTTTT tttgttggca aaagaatctc aggaacggcc ctgggccacc 960
tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tcctcctaata aggaaggcga1020
ggagaggaga aggccagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacgg1080
gaataattca cgtcacgtc gttcttccac agtatcttgt tttgatcatt tccactgcac1140
atctctctc aagaaaagcg aaaggacaga ctgttggtt tgtgtttgga ggataggagg1200
10 gagagaggga aggggctgag gaaatctctg gggttaagat aaaggcttcc agaagacatg1260
ctgctatggt cactgagggg ttagctttat ctgctgttgt tgatgcaccc gtccaagtct1320
actgccttta ttttccctcc tccctcttgt ttagctgtt acacacacag taatacctga1380
atatccaacg gtatagatca caaggggggg atgttaaatg ttaatctaaa atatagcta1440
aaaaagattt tgacataaaa gagccttgat ttaaaaaaaa aaagagagag agatgtaatt1500
15 taaaaagttt attataaatt aaattcagca aaaaaagatt tgctacaaag tatagagaag1560
tataaaataa aagttattgt ttgaaaaaaa agtgtcgttt gtttccctacc ccaacctgct1620
ttcttgaccc agttctcagg gaacctgaag ggacacagga tgccgggtgat aagctcacct1680
cttcaggaag ccgcttcaag cagacctgcc accttcaagc a 1721

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

accctgtggt cccgggtttc tgcagagtct acttcagaag cggaggcact gggagtcggg 60
45 tttgggattg ccaggctgtg gttgtgagtc tgagcttggt agcggtctgt gcgccccaac 120
tcttcgccag catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgagt ctgcaagact 180
gggaggaact ggggtgataa gaaatctatt cactgtcaag gtttattgaa gtcaaaatgt 240
ccaaaaaat cagtggcggg tctgtggtag agatgcaagg agatgaaatg acacgaatca 300
tttggaattt gattaaagag aaactcattt ttccctacgt ggaattggat ctacatagct 360
50 atgatttagg catagagaat cgtgatgcca ccaacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420
aagctataaa gaagcataat gttggcgtca aatgtgccac tatcactcct gatgagaaga 480
gggttgagga gttcaagttg aaacaaatgt ggaaatcacc aaatggcacc atacgaaata 540
ttctgggtgg cacggtcttc agagaagcca ttatctgcaa aaatatcccc cggttggtga 600
gtggatgggt aaaacctatc atcataggtc gtcattgcta tggggatcaa tacagagcaa 660
55 ctgattttgt tgttccctggg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720
cccaaaaggt gacatacctg gtacataact ttgaagaagg tgggtggtgt gccatgggga 780
tgtataatca agataagtca attgaagatt ttgcacacag ttccttccaa atggctctgt 840

```



```

ctaagggttg gcctttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatgggc 900
gttttaaaga catctttcag gagatatatg acaagcagta caagtcccag tttgaagctc 960
aaaagatctg gtatgagcat aggctcatcg acgacatggg ggcccaagct atgaaatcag1020
agggaggctt catctggggc tgtaaaaact atgatgggtga cgtgcagtcg gactctgtgg1080
5  cccaagggtg tggctctctc ggcatgatga ccagcgtgct ggtttgtcca gatggcaag1140
cagtagaagc agaggctgcc cacgggactg taaccgctca ctaccgcatg taccagaaa1200
gacaggagac gtccaccaat cccattgtct ccatttttgc ctggaccaga gggtttagcc1260
acagagcaaa gcttgataac aataaagagc ttgccttctt tgcaaagtct ttggaagaag1320
tctctattga gacaattgag gctggcttca tgaccaagga cttggctgct tgcattaaag1380
10 gtttacccaa tgtgcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagttcatg gataaacttg1440
gagaaaactt gaagatcaaa ctagctcagg ccaaacttta agttcatacc tgagctaaga1500
aggataattg tcttttggta actaggtcta cagggtttaca ttttctgtg ttacactcaa1560
ggataaaggc aaaatcaatt ttgtaatttg tttagaagcc agagtttatc ttttctataa1620
gtttacagcc ttttcttat atatacagtt attgccacct ttgtgaacat ggcaaggga1680
15 ttttttaca tttttatttt attttctagt accagcctag gaattcgggt agtactcatt1740
tgtattcact gtcacttttt ctcatgttct aattataaat gacccaaatc aagattgctc1800
aaaagggtaa atgatagcca cagtattgct ccctaaaata tgcataaagt agaaattcac1860
tgcttccccc tctgtccat gacctggggc acaggggaagt tctgggtgca tagatatccc1920
gttttgtgag gtagagctgt gcattaaact tgcacatgac tggaacgaag tatgagtgc1980
20 actcaaatgt gttgaagata ctgcagtcac ttttgtaaag accttgctga atgtttccaa2040
tagactaaat actgtttagg ccgcaggaga gtttggaaac cggaataaat actacctgga2100
ggtttgtcct ctccattttt ctctttctcc tcttggcctg gcctgaatat tatactactc2160
taaatagcat atttcacca agtgcaataa tgtaagctga atcttttttg gacttctgct2220
ggcctgtttt atttctttta tataaatgtg atttctcaga aattgatatt aaacactatc2280
25 ttatcttctc ctgaactgtt gattttaatt aaaattaagt gctaattacc attaaaaaaa2340
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1321 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

cctggaaaca agatccaaac ccaagtgacc ccgccggaaa gtgaccagct caggtttaaa 60
aattccaaca aaccgacgtg aacaaataga ccgaccaacc aaatatataa tccgtcaaaa 120
tacattcact tccactacga aaccccaaca aagggtgtga atgcccgccc aggagagacg 180
55 gttttggttt catcaagtgt gtggatcgtg atgttcgtat gttcttccac ttcagtgaag 240
ttctggatgg gaaccagctc catattgcag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
tgctctctgc tcaaagaaat catgctatta ggattaaaaa acttcccaag ggacagggtt 360

```

```

catttcattc ccattcagat caccgttttc tgggcacggt agaaaaagaa gccacttttt 420
ccaatcctaa aaccactagc ccaaataaag gcaaagagaa ggaggctgag gatggcatta 480
ttgcttatga tgactgtggg gtgaaactga ctattgcttt tcaagccaag gatgtggaag 540
gatctacttc tcctcaaata ggagataagg ttgaatttag tattagtac aaacagaggc 600
5 ctggacagca ggttgcaact tgtgtgcgac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
tcttggtta tgtggcaact ctgaaggata attttgatt tattgaaaca gccaatcatg 720
ataaggaaat ctttttccat tacagtgaat tctctggtga tgttgatagc ctggaactgg 780
gggacatggt cgagtatagc ttgtccaaag gcaaaggcaa caaagtcagt gcagaaaaag 840
tgaacaaaac acactcagtg aatggcatta ctgaggaagc tgatcccacc atttactctg 900
10 gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgttg atccaacaca gactgagtac caaggaatga 960
ttgagattgt ggaggagggc gatatgaaag gtgaggtcta tccatttggc atcggtggga1020
tggccaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagttccaa ttgtgtgtcc1080
tgggccaaaa tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gccacagtgg1140
aatgtgtgaa agatcagttt ggcttcatta actatgaagt aggagatagc aagaagctct1200
15 ttttccatgt gaaagaagtt caggatggca ttgagctaca ggcaggagat gaggtggagt1260
tctcagtgat tcctaagagt tcaggcggac tggcagggtc aggcgcctgt agatgttttg1320
g 1321

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 384 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

```

45 ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagctcaca gccgaataag ccaccatgag 60
gctgtcagtg tgtctcctga tgggtctcgt ggccctttgc tgctaccagg cccatgctct120
tgtctgcccc gctgttgctt ctgagatcac agtcttctta ttcttaagt acgtgcgg180
aaacctccaa gttgccaaac ttaatccacc tccagaagct ctgacagcca agttggaagt240
gaagcactgc accgatcaga tatcttttaa gaaacggctt ctcatattgaa aaagtcctgg300
gtgggaatag tgaaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tgggtttcca360
50 aagtcttttc aacggcaacc tgat 384

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 367 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

20 gggcactggt ggtccggttc ctcaccaaac gattcatcgg tgactatgaa agaaatgcag 60
gtaatctcta tactagacaa gttcagatag aagggtgaaac cctggctctt caggttcaag120
acactccagg tattcaggtc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaataggt180
gcattcgctg ggcagatgct gtggtgatcg tttctccat cactgactac aagagctatg240
25 aactcatcag ccagctccac cagcacgtgc agcagctaca ccttggggcac cgggctgcct300
gtgggtggtc gtgggccaac aaaagtgacc tgttgacat caaacagggt gaccctcagc360
ttggact 367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2621 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

5  gggcctttgc cgcctttggc ggcgggtct acgttccctg ttctgcctg cagctccgcc 60
   atggctccta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
   agccgcaatc tctcggccaa gtccctcccg ctcttcttcg gaaacgcgtt catcgtgtct 180
   gccatcccca tctggttata ctggcgaata tggcatatgg atcttattca gtctgctgtt 240
10  ttgtatagtg tgatgacct agtaagcaca tatttgtag cctttgcata caagaatgtg 300
   aaattttgtt tcaagcacia agtagcacag aagaggagg atgctgtttc caaagaatg 360
   actcgaaaac tttctgaagc tgataataga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
   atcttgtgga agaagaatga agttgctgat tatgaagcta caacattttc catcttctat 480
   aacaacactc tgttcctggt cgtggtcatt gttgcttct tcttcatatt gaagaacttc 540
15  aacccacag tgaactacat attgtccata agtgcttcat caggactcat cgcctcctg 600
   tctactggct ccaaatagac catgtcagct tcacccctg gctttgtgtc tatgggtggc 660
   ctgtggtata tggaaaagta gcagggtggg cagggtggga gacacaagat gtttttatag 720
   tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta tttgtttatt ggctgttttt 780
   tgacagattg ttgaaattaa atgaattgaa agggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
20  aaaaggaaaa aaatgtcttg caatgtgctg taatcacaag aggagaaaat aactgttttc 900
   ctgtagctgt cagaggtcac agtaacctgg gccgagctgt tattatttat tatataatag 960
   tagtaggaag ttaataactg gttctctgtg ttccaagcac aatattacaa cttcttttga1020
   accgtaaaata tcagaatgaa tctcttctcc aggggattga acagaagctt aatgtttaca1080
   agtgtttgaa tttgtgatct gaaataacac aaaattaaaa acatgatttc tctaattttc1140
25  caactagagg aagagaaact tgtggaaaag ttctttttt ttctgtttt ttcttaaaag1200
   aaggcagacc aaggtagtaa cctaaaaata gtgccaggc atatgagagt tgcctacga1260
   ggttaaagaa cacactgttc cactgtatgg ctttggccct gagtggccag ggaggccaac1320
   ttgacctgc catgttggtt tgacttacta agacacagga atcattgttt tccttgacca1380
   ggtctcaca ccctggagga atgttaagta agagaaagaa cctctttcct gaatttgac1440
30  ttgtaaaaga ccaaagtaat tttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaat1500
   ttacagtgat tttagtgtt gtcagcattt ttccatgagg actttcatac atttgactct1560
   ttagttcaca ggttcccatt gattgtgagc aagatattta tctctttagc ccttggggat1620
   ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccgtgtat gtacagatat catttcttgt1680
   gtagccatg acttgaaaaa gtttggaag ctcttttagca atatcagcta aaaggatatg1740
35  aaatcacagg tgatagcagt tgtcattcag taatttccta caagcagcac cccaaaggaa1800
   atatagtcct aatctttact atccacttct aaatttaatg tgaatttcat acatgttatt1860
   agttgttttc tttataattt tataaaaaatt attcatcggg agtttaactt ccacttccat1920
   gctatcggat gtgttgggct ccatgcaaga acttggaaga aaaacaggca ggaatgcatt1980
   tgcataatga ccagatcat cattttctgc aactgagaat tatatttcat cattgttct2040
40  agaagtctgc aattctttac ttttctttg tgcatatta tctaggtgcc atcactggat2100
   aatgtggagt gactagagaa gtcacatatc actgtaagg acagttaggg taacacttta2160
   gaggtttatt atttttaaaa aacttttctt gaactcctgg ccaacatggt gaaaccccg2220
   ctctactaaa aataccaaaa ttagccaggc gtgatgttg gtgectgtaa tctcagctac2280
   ttgggaggct gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagagggtgc agtgagtcga2340
45  gatcgtgcta ctactgcctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa2400
   aaacccaaaa agttttcttt actgttggtt aaaaaaaaaa gccagaccat agtttgactg2460
   gtggcatgga atttgtgtat caaataaatg catttgctta tttgacaaac aaaaagtgtc2520
   cactattggt gaccgagggt gggccgtttt tttgaaattg ggggggaaat ttgcccggtg2580
   gtgggagggc ctttgtgggg ggggaaaaat tgcccccttg g 2621

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2019 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

10

```
ctgtatccta atttcttggt gaatgaactc attcttaaac agaagcaaag atttgaggaa 60
aagagggttca aattggacca ctcaagtgaat agcaccaatg gccacaggtg gcagatattt 120
caagattggt tgggaactga ccaagataac cttgatttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180
gagttactag tgcagaagaa gaaacaactg gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240
15 attcttatgg aattcctcaa ggttgcaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300
cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tggaagaaat gagtggctta 360
tactctctcg tcagtgaaga tagcacagtg cctcaatttg aagctccttc tccatcacac 420
agtagtatta ttgattccac agaatacagc caacctccag gtttcagtgg cagttctcag 480
acaaagaaac agccttggtg taatagcagc ttagcatcaa gacgaaaacg acttactgct 540
20 cacttttgaag acttggaaga gtgttacttt tctacaagga tgtctcgtat ctcatgatgac 600
agtcgaactg caagccagtt ggatgaattt caggaaatgct tgtccaagtt tactcgatat 660
aattcagtag gaccttttag cacattgtca tatgctagtg atctctataa tggttccagt 720
atagtctcta gtattgaatt tgaccgggat tgtgactatt ttgcgattgc tggagttaca 780
aagaagatta aagtctatga atatgacact gtcacccagg atgcagtggg tattcattac 840
25 cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaa atcagctgta tcagttggag tagttaccat 900
aagaacctgt tagctagcag tgattatgaa ggcaactgta ttttatggga tggattcaca 960
ggacagaggt caaaggtcta tcaggagcat gagaagaggt gttggagtgt tgactttaat1020
ttgatggatc ctaaaactct ggcttcaggt tctgatgatg caaaagtga gctgtggtct1080
accaatctag acaactcagt ggcaagcatt gaggcaaagg ctaatgtgtg ctgtgttaaa1140
30 ttcagccctt cttccagata ccatttggct ttcggctgtg cagatcactg tgtccactac1200
tatgatcttc gtaacactaa acagccaatc atggtattca aaggacaccg taaagcagtc1260
tcttatgcaa agtttgtgag tggtagggaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagcta1320
aaactgtgga atgtagggaa accatactgc ctacgttcct tcaaggggtca tatcaatgaa1380
aaaaactttg taggcctggc ttccaatgga gattatatag ctgttggaag tgaaaataac1440
35 tctctctacc tgtactataa aggactttct aagactttgc taacttttaa gtttgataca1500
gtcaaaagtg ttctcgacaa agaccgaaaa gaagatgata caaatgaatt tgttagtgtc1560
gtgtgctgga gggcactacc agatggggag tccaatgtgc tgattgctgc taacagtcag1620
ggtacaatta aggtgctaga attggtatga agggtaact caagtcaaat tgtacttgat1680
cctgctgaaa tacatctgca gctgacaatg agagaagaaa cagaaaatgt catgtgatgt1740
40 ctctcccaa agtcatcatg ggttttggat ttgttttgaa ttttttttc tttttttctt1800
ttccctcctt tatgaccttt gggacattgg gaatacccag ccaactctcc accatcaatg1860
taactccatg gacattgctg ctcttggtgg tgttatctaa tttttgtgat agggaaacaal920
attcttttga ataaaaataa ataacaaaac aataaaagtt tattgagcca caaaaaaaaal980
45 aaaaaaaaaa aaaaaaagaa agaaggagag agggaaagg 2019
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1866 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

15 gtgggttgctg tgacaggcac tatttgaagt gctttatcat ggattaactc ttaatcctca 60
   gctaccgtat aaagtaggac ataaccctcat ttcacatgca ctacactgag acttgccctcc 120
   tctcccccca cattgaagat gttctttttt cataactata tactattcca ttgcatgaat 180
   attctgtaat ttatttaaat ccctatggat tgataattag gttcattata gatagaagtg 240
   taattaacat tcctgtacat gtattttgct acttgtgtgg gtatttctgt aggatgaata 300
   actagaaatt tattggatca ggtttcacat ttgcagtttt gaaaactact accaaaaaga 360
20 tttcaccaat ttacaactcc atcattagta agaatgcctg tttgcctata gtctgccaac 420
   cctgaatcct taaaaatttt tgccaatctg gtaggcaaaa tttctttctt ttctttgaat 480
   attaagtagg aggaacatct tttcatgttt ctgggccatt tgcatttcct attatgaatt 540
   gcttttgccc attttccttt ttttaattat gaaagtctaa tgactacctt ctcattgtat 600
   aaaaaacaca gttctttgaa tagagagacc cttttctcca atgctacca tcacattcca 660
25 cttaccacag tttaacatac atcctctagt cacctttccg tacgaatata catacacata 720
   aaaacacttt ttacataaat aggatctcat attctgtagc tttttaaaat tttgggtctca 780
   aaaaaagata acaggtcttt aaatttcttt aatggttgaa tatgattaaa tactatgaaa 840
   atgccattat ttattccctt aatttttttc ctctcgctat tacattgcca aagtaaacat 900
   cctattcaga tgtctttgtg catgtgtgtg aatatttctt tagtctggag tccagtaagg 960
30 tggatttttg gatcaaaggg tttgttctct gtccaccttc agtcttccca aaggccttca 1020
   taactgtatt ttcaccaagt gtatggagaa tgttcatttc cccatataac catacctaca 1080
   cttgatagtt tttatctggt ggcgaaaaa gaaccttttc ttattttgca tttccctgat 1140
   tataaaaaaa aatgggtgaga ttggggttat tttcatgttt attggccatt tatagtttac 1200
   tgtggattgt ttgtatccct tacctgcttt ctattgggtt atgtgtggat atattgtttt 1260
35 tatttgttca gcatctcctt ccccatcttc tggtaacaca acctttattt atttgtgggg 1320
   aacctattcc ctgtggctta ggtgagcatg tgaccaggcc tggcctcctg agtcccacag 1380
   cttcctagcc acagtataa agaattgggt atataactta agccaggcta aggaaagccc 1440
   ttaacagaa cttctgtgga actactggaa agaaggcttt atggagatcc caggaaacca 1500
   ggaccatgta agcctgaatt tgtgccatgt ggagagagtc tgtctgagga gaaactcgga 1560
40 tgctagcaga aatggaaaga gaactaagtt ctgatgtcat ttttctggag gccctagatc 1620
   cagctgtgcc taaagcctgc cctacctccg gactttaaag ttttgtgagc caataaagtc 1680
   cctttcttgt ttaagataat tgaattgagt ttctgttctg attaatatag gttatttgta 1740
   ttttcttatt gattttaga aaacctttgt aattttaaat tctagacttt atgcactata 1800
   taagttaata aaattagcat ggccttccat gaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1860
45 aaaaaa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1189 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```
15 ctagcaagca ggtaaacgag cttgtgataa acacacacag accaacacat ccggggatgg 60
ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggtctt ctgtgccact 120
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gtaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240
aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtcggg 360
20 aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccttgccttc cttctgtcac 420
ccccgtcct ctccccagc aggctccttg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
tctgactgtc cttgacttct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
25 atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
aaaaagctga actgcaaata tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccttgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
30 ctagggttaag gaaggagata aatgaggaaa aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020
tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaaag acagttctgt 1080
cttcaatacc tctgccatca gatgacttta aaagggtccag gagtaaaagt ttatgatgat 1140
gggcaaaagt ccagtgtatt cagtaaaagt ctaatcacia gttggagggt 1189
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
40 (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
45 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

5 gagctcgag ctcgcgcggc gcctggtecc agcgcccgcg ggcgcgcgtc cccggcccaa 60
ccatggcgct ctcgcgcggc ggctgcgtgg tgatcggtgg cagtggagtc attgggcgaa 120
gtgggccatg ctgttttgcca gtggaggctt ccaggtgaaa ctctatgaca ttgagcaaca 180
gcagataagg aacgcctctg aaaacatcag aaaggagatg aagttgctgg agcaggcagg 240
ttctctgaaa ggctccctga gtgtggaaga gcagctgtca ctcatcagtg gttgtcccaa 300
10 tatccaagaa gcagtagagg gtgccatgca cattcaggaa tgtgttccag aagatctaga 360
actgaagaag aagatttttg ctcatgtaga ttccatcatt gatgatcgag tgatcttaag 420
cagttccact tctgtctca tgccttccaa gttgtttgct ggcttggctc atgtgaagca 480
atgcatcggt gctcatcctg tgaatccgcc atactacatc ccgctggttg agctggtccc 540
ccacccgag acggccccta cgacagtgga cagaaccac gccctgatga agaagattgg 600
15 acagtgcgcc atgcgagtc agaaggaggt ggccggcttc gttctgaacc gcctgcaata 660
tgcaatcacc agcgaggcct ggcggctagt ggaggaagga atcgtgtctc gtagtgacct 720
ggacctgtgc atgtcagaag ggttgggcat gcggtatgca ttcatggac ccctggaaac 780
catgcatctc aatgcagaag gtatgttaag ctactgcgac agatacagcg aaggcataaa 840
acatgtccta cagacttttg gacccattcc agagttttcc agggccactg ctgagaagg 900
20 taaccaggac atgtgcatga aggtccctga tgaccggag cacttagctg ccaggaggca 960
gtggagggac gagtgccctc tgagactcgc caagttgaag agtcaagtgc agccccagtg 1020
aatttcttgt aatgcagctt ccactcctct cattggaggc cctattggg aacactgca 1080
gcccttaata agcctctgt gacataggta gcagcccacg gagatcctaa gctggtgtc 1140
ttgtgtgcag cctgagtggt gtgtgtcagg ccggtagtct gcccgctact ttggatcata 1200
25 gccctgggcc tggcggcaca gcagcacttg cgttctcggg gctgtcgatt tcctgccacc 1260
tgggcagata acctggagat ttccacctt tctttttcag cttgattgca tttgagtatg 1320
atgtgacagc cagtgtgtgt agttttcatg ttaatatgtg ggcaaaatat tttgttaatt 1380
atttttgtaa tccctttctg agtaatctgg gggtcctt 1418

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

55 gcagcaacgg ggtgcggcag ggtggggaac gcgggagggg gccagctccc aggaaagctg 60
gtctgcgagc ggcccctgcc cggctcccag gtccctgcgc gaccccgccc ttcccagac 120

```



```

cccagccggg ctgccgcccg cgtcccgaa gctccagcct gaaccatgtt tttcacttgt180
ggcccaaatg aggccatggt ggtctccggg ttctgccgaa gccccccagt catggtggct240
ggagggcggtg tctttgtcct gccctgcac caacagatcc agaggatctc tctcaacaca300
ctgaccctca atgtcaagag tgaaaagggt tacactcgcc atgggggtccc catctcagtc360
5 actggcattg cccaggtgaa gctttcagag ccttttcccc acagtccact tccccatcac420
cctctctccc agacattaag acatctcttg gccacagtct tctcaaccct tgccctgcaga480
gaagttcctc tgctagtctc atcttttcca ggcaccccaa ggcacttgcc tctcctcct540
ttctttccct gaaatggaag aagcatttct gagagggtc tcccttctct ctctgctttt600
cctctgactt catgagaccc ccaccacacc ttctctaccc ctactctggc tacaggtaaa660
10 aatccagggg cagaacaagg agatgttggc ggcgcctgt cagatgttgc tggggaagac720
ggaggtgag attgccaca ttgccctgga gacgttagag ggccaccaga gggccatcat780
ggccacatg acttgtggga gggttgggt taga 814

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 3039 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttggct ggcaaaattc 60
40 tagggaaact tggccagaaa actggtgttg aaggcttttg ctcatataaa caagtgccat 120
tgagtttcaa atgaccagca aatataattt gaacccttcc tgttttatgt ctgtacctcg 180
tccacccctc aggtaatacc tgcctctcac aggtacagct gtttcttga aatcctccaa 240
ccaaatagca gttttcctaa cttgattagc ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300
tctggccaca gctgatgagg gctttctgta ctgcacacag attgtgtact gcacccagc 360
45 ccagggtgact ggtacccact cgagttgtgc cgtgcaaaac ctgtccagta tatgcatgtg 420
gtggccctac tgactggtaa tggttagagg catttatgga ttttaagctt tgaggaaaaa 480
ccatgacttt taacaaattt ttatgggtta tatgcctaaa cccttatgcc acatagtgg 540
aaataattat gaaaaatggt ctgttcataa ttggtagggt ccttttgtga gcaggagca 600
taattatttg tttattatgg taattatggt gattttttta atatcatgta atgttaaaac 660
50 gttttctaac agtttactgt tgcttatctc caagatatta tggaaattaag aatttttcca 720
gatgagtgtt acatagattc tttgaattta gtataaaagt actgagaatt aagtttgtac 780
ttccataagc ttggatttta aacactgata gtatctcatg agtaatgtgt gttttggag 840
agggagggat gctgattgat atttcacatt gtatgaaata ccatgtttga aactcatagc 900
aataatgcta tgctgttgtg atccctctca agttctgcat ttaaaatata ttttttcttt 960
55 ataggaaatt atgtatacca tgaagtcatt gtcagtgtga gtagctctga tgttgaatga1020
gatatcatgt tttagcattc cattttactg actagggtag aagaacactt ttcttggtal1080
catttgagg ataccaggg agtcttgggt gttccttatc tggggaagca aacatttcac1140

```

```

tagtctcttt ttttcacct ttaaattgta aattaaggat tactcaagct caccattatt1200
caagattggg actcgcttc cagtcgacac tctgccctgc ctgtcattgc tgcaaagagc1260
tgctgctttg ccaacctaa ccaagaaaat acggcttctc ttgcattatt ttcccttttg1320
gttggtttgt tttctagaag tacgttcaga tgctttgggg aatgcaatgt atgatttgct1380
5 agctctctca ccaacttaact cactgtgagg ataaatatgc atgctttttg taattaactg1440
gtgctttgaa aatctttttt aaggggagaa aatctcaacc aaagtatatgc tcatccagac1500
aagctgacct ttgagttaat ttcagcaca ctcattcttc agtgcctcat gactgaaaac1560
aaaaaaca aaacgaaag catcttcaca atgaagcttc cagatagcac cgttttgcta1620
aaagatacat tctcattgtt ttccaacagt gatggcttc acataagggt aaacaaacta1680
10 ggtgcttgta aataatttat tacagtttac tctatcgcat ttctgtaaca tgaaatgcat1740
gccctcttc aggggaagac tgtggtcaag ttaaaaaaaa aaacaatat taaacaacat1800
gaaactgcag tctgtttttg aaaatgagaa tgtcctaagt gattcagaag agaggaggga1860
agttgtgcac tctgaaaatg catgaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgtaga1920
actgttaact gagacggctt cgagtcttcc ttctggaatc tgttaaattt cacaagtca1980
15 tgagggtaaa tggagaaaat atttctggga ttacaatgaa tgtaagccca aattgtggaa2040
ttgccagtaa cctggatggg gaaaagcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgt2100
ctgtgagatg ttcacagtg ttttatagaa atggtgttgc tgggaaacca agtttgcacc2160
tggaaactta caatgcact tagcgcagta agggcttggc atccggtagt gaaaaactgt2220
ctaaccagc attgccccaa ctattttgac accaggacct ttttctcctt tgggatactt2280
20 atgaacctct cactaatgtc ctgtggagaa cattttggga aacactatgt tagatagttc2340
tttaaggaga caaacggta atgaacagat agcactggg cagaatatgc atgcattttg2400
taacgtccag tgtggcgttg aatagatgtg tatttctcct cctgcagaaa ataagcacag2460
aaaattataa tgtaggtgat cggagctctt tcttttgata gagagaacag ccccaatgat2520
cctggctttt tcaactgaac tatcagaata catggatgaa ttggggtaaa taaggtttta2580
25 attcagatct agaagaaaat attgtacgtt tgaatgcaga tttttatcca cagatagttg2640
tagtgtttag acatgacagg acctatcgtt gaggtttcta agacttacta tgggctgtaa2700
acctgtttt taaaactatt ttagaaacct gagacttgcc gtctggcatt ttagtttaat2760
acaaactaat gattgcattt gaaagagatt cttgacctta tttctaaacg tctagagctc2820
tgaaatgtct tgatggaagg tattaacta tttgcctgtt gtacaaagaa atgttaagac2880
30 tctgaaaag aattactata aggtactgtg aaataactgc gattttgtga gcaaaacata2940
cttgaaaatg ctgattgatt tttatgcttg ttagtgatt gcaagaaaca cagaaaatgt3000
agttttgttt taataaacca aaaattgaac ataaaaacc 3039

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

5  taccaatctg aagggggaag cggcgccgcc atcgccctcc gccgctccct ccccgactcc 60
   taagtccttc ggccgccacc atgtccgcct cggctgtctt cattctggac gttaagggca 120
   agccattgat cagccgcaac tacaaggcg atgtggccat gagcaagatt gagcacttca 180
10  tgcctttgct ggtacacggg gaggaggaa ggcgcctggc cccgctgctg agccacggcc 240
   aggtccactt cctatggatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300
   atgccaatgc ctccctgggt tactccttcc tgtataagac aatagaggta ttctgcgaat 360
   acttcaagga gctggaggag gagagcatcc gggacaactt tgtcatcgtc tacgagttgc 420
   tggacgagct catggacttt ggcttcccg cagcaagatc ctgcaggagt 480
15  acatcactca gcagagcaac aagctggaga cgggcaagtc acgggtgcc cccactgtca 540
   ccaacgctgt gtccctggcg tccgagggt tcaagtataa gaagaacgag gtcttcattg 600
   atgtcataga gtctgtcaac ctgctgtgca atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa 660
   tcgtcggtac catcaagctc aaggtgttct tgtcaggaat gccagagctg cggctgggccc 720
   tcaatgaccg cgtgtctctc gagctcactg gccgcagcaa gaacaaatca gttagagctgg 780
20  aggatgtaaa attccaccag tgcgtgcggc tctctcgctt tgacaacgac cgcaccatct 840
   ccttcatccc gcctgatggt gactttgagc tcatgtcata ccgcctcagc acccagggtca 900
   agccactgat ctggattgag tctgtcattg agaagttctc ccacagccgc ttggagatca 960
   tggtaaggcg caaggggcag tttaagaaac agtcagtggc caacggtgtg gagatatctg 1020
   tgcctgtacc cagcgatgcc gactccccc gattcaagac cagtgtgggc agcgccaagt 1080
25  atgtgccgga gagaaacgtc gtgatttgga gtattaagtc tttccgggg ggcaaggagt 1140
   acttgatgcg agccccactt ggccctccca gtgtggaaa ggaagagggt gagggccggc 1200
   ccccatcggt ggtcaagttt gagatccct acttcaccgt ctctgggac caggtccgat 1260
   acatgaagat cattgagaaa agtggttacc agggccctgc cctgggggtt cgctacattc 1320
   accagagtg ggcgattacc aactttcgtt accagctagg aaggggagaa gagatggggg 1380
30  ggttttaaca cgggggttgc tttacagccc cggatgcaga tttttagaag ggagggcagg 1440
   tgcgggtt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1394 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 45 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

55  atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg 60
   gtggagtggc agcttagaat tgcagcagga gagaagattc ctttgagcca ggaagaaata 120
   actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatcctag caataacttc 180
   atgcctgtgg caggccatt agtgcacctc tctactctc gagcagacc ttccaccagg 240
   attgaaactg gagtacggca aggagacgaa gtttccgtgc attatgacc catgattgcg 300

```

```

aagtgggtcg tgtgggcagc agatcgccag gcggcattga caaaactgag gtacagcctt 360
cgtcagtaca atattgttgg actgcccacc aacattgact tcttactcaa cctgtctggc 420
caccagagt ttgaagctgg gaacgtgcac actgatttca tccctcaaca ccacaaacag 480
ttgttgctca gtcggaaggc tgcagccaaa gagtctttat gccaggcagc cctgggtctc 540
5 atcctcaagg agaaagccat gaccgacact ttcactcttc aggcacatga tcaattctct 600
ccattttcgt ctagcagtgg aagaagactg aatatctcgt ataccagaaa catgactctt 660
aaagatggta aaaacaatgt agccatagct gtaacgtata accatgatgg gtcttatagc 720
atgcagattg aagataaaac tttccaagtc cttggtaatc tttacagcga gggagactgc 780
acttacctga aatggtctgt taatggagtt gctagttaaag cgaagtgatt atcctggaaa 840
10 acactattta cctatttttc aaggaaggaa gtattgagat tgacattcca gtcccaaat 900
acttatcttc tgtgagctca caagaaactc agggcggccc cttagctcct atgactggaa 960
ccattgaaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtga agcgggagat tccctcatgg1020
ttatgatcgc catgaagatg gagcatacca taaagtctcc aaaggatggc acagtaaaga1080
aagtgttcta cagagaaggt gctcaggcca acagacacac tcctttagtc gaggttgagg1140
15 aggaagaatc agacaaaagg gaatcggaat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaagt1200
agtgtcttct ctctccacca aaaagaggaa gtgcctccag cttttctggg ggtctcataa1260
agagcagttt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca ctttcatat tggagaatca1320
tgcatttggg tcactaatta tctcaaaaata tttcatacta ataaagttga attatTTTTT1380
attggaagcc aaaa 1394

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

gccgacaaga tgttcttctg gctcttccg gctgcggggc gagtagtcgt ccgacgtctg 60
gccgtgagac gtttcgggag ccggagtctc tccaccgcag acatgacgaa gggccttgtt120
ttaggaatct attccaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaag tgcaggagag180
aattttgata aattgtttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatata tggaccacct240
ctgaaggcag ggaagactcg aaccttttat ggtctgcata aggacttccc cagcgtggtg300
50 ctagttagcc tcggcaaaaa ggcagctgga atcgacgaac aggaaaactg gcatgaaggc360
aaagaaaaca tcagagctgc tgttgacgag ggtgcaggc agattcaaga cctggagctc420
tcgtctgttg aggtggatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgcggaggg agcggtgctt480
ggtctctatg aatacgatga cctaaagcaa aaaaagaaga tggctgtgtc ggcaaagctc540
tatggaagtg gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc gttttgcttc tgggcaagaa600
55 cttgggcacg ccaatttgat gggagacgcc agccaattga gattgacgcc aaccagattt660
tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttggtagtta gttaaaaccg aggtcctttt720
cagaccccaa tttt 734

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 5 (A) LÄNGE: 692 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25 tgcagcgcgt gcggtgctgcg ctactgagca gcgccatgga ggactctgaa gcactgggct 60
 tcgaacacat gggcctcgat ccccggtccc ttcaggctgt caccgatctg ggctggtcgc120
 gacctacgt gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg180
 ctcgggcccg caccgggtcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt240
 30 tgetccatag gaaggcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg300
 ttcttaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact360
 gtgctcggga tgtecgagt gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag420
 ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact480
 tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttgggtggt gacgaagctg540
 35 accttctttt ttcccttttg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttcctc tggtcacttt600
 gcccccgat ttttaacaagg cttttctcat gtcagctact tttaacgagg acgtacaagc660
 actcaaggag ctgatattac ataagccggt at 692

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 571 Basenpaare
 45 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

10

15

20

```
ctgccacgca cgactgaaca cagacagcag ccgcctcgcc atgaagctgc tgatggctct 60
catgctggcg gccctcctcc tgcactgcta tgcagattct ggctgcaaac tcctggaggal20
catggttgaa aagaccatca attccgacat atctatacct gaatacaaag agcttcttca180
agagttcata gacagtgatg ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtgtttcct240
caaccagtca catagaactc tgaaaaactt tggactgatg atgcatacag tgtacgacag300
catttggtgt aatatgaaga gtaattaact ttaccaagg cgtttggtc agagggctac360
agactatggc cagaactcat ctgttgattg ctagaaacca cttttctttc ttgtgtgtgc420
tttttatgtg gaaactgcta gacaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480
actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 322 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

45

50

```
tcaagctgtg ggtgagaagc tctctagcag ggactctgac cttatggagg atcgctgttt 60
ccccatttt tccttttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcacccttca aacagcctgt120
gagcctaaat tttgtggcc atgggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaaggal80
aaagtctgc gacatctttg gccatcaaac tccaaccag tcaccaacc agagcctctg240
aggaatggcc ccttcttgcc gggaaccctt tacaatgggc ctcttgactg atgtttcccc300
aaaacagtgc ccctgtcatc ag 322
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1559 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```
gcacgagttg agagtgagtg tgtgtgtgtg cgtgtgcacg tgcacacatg tgcacggttg 60
tatgtatggg aaataaaact ataaatgggg acgtattgga gaaggaaata catagacctt 120
25 caactttgag caaatagcag tgatgtttta ggaactgaaa tgtcacactt aaagtcttca 180
gcccagctac ttccctattt ttggcgggga gaagagggcc tgattagaac tgttctgggt 240
gtgtttggcg ggagggaat aatttttgtt cagtccttct tagtgaccaa actttaattt 300
ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360
gagtggagtt ctgtgttgct cacatgttaa aagcttgctc accttcagag cagagggaat 420
30 acctatcttc agatatccgc ccattttcat ctcttcatta tagtcaaaaca gtgtgacttg 480
agagtgttgc tctggtgtct gtattctggc ttatgaagat tatttgaaaa agaactctta 540
ctacattgaa atgcagactt ttaaaaattt aaatattgga ttaggcagtc aaaaaaccaa 600
acaagcataa aaggtcaata agttgtaatc ttaaaagtaa aggtggaaaa ctcatataa 660
atggaagaaa agttttgatt tccttttttg tttgatgggc agtatgccat attataccca 720
35 aagttctttt aaaaaatatt tccatcaacc atttttattt aaaataaaca tttgagggaa 780
gttaccaagg cagctttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaat agcacatttt 840
aggggcatgg ttaataacctg agatttttac tcagtaaatc ctgatggtta ctgtgtgtaa 900
aatatcttta agtaggattg aaggcctctg tgggggaata aaatattacc aaagtctata 960
aaaataaatt ttacatgttc tcttttatga cagagagcag cactggttct gttattttta1020
40 aatgaataa ttgatttctt gatagggtgt taatatttct tccctcactg ctgattctta1080
gatagaaacc attctttata tttgatagac tgctttcaga aaaccttat caacaagtgt1140
acaatactta tctaaaacta tacatttaga atggagcagt ttaatactag atctcagaag1200
ttttgaaaaa tagcaaagaa gactggattt ggaaagcatg gtctacaatt gggtgttaa1260
ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaa ctttgatta tgaaacccca tttatgattt1320
45 tttaaataca cttgaaataa aaatgattaa actaaatttt ggtccagtga cattactttg1380
cactgcataa tccattatac gttgtacgac tttttttttt ggtttgattt aataactgag1440
agttttgtgt gaagctacgg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacggtgat1500
tatattatat gggggcattt gtagtgcagc ggaagacgga atttatgcct ttgggaaac 1559
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1072 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```
20  cacacgtgct gacggcgagg acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtgttcgc 60
    gtcccccagt aaacacccca tggacagcaa gggggaggag tccaagatca gctaccccaa 120
    catcttcttc atgattgaca gcttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180
    gagatggtct gtgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca gggggtcatc 240
    tttcagggtc ccatccgcta cgaggcgctc aagaagggtg atgacaaccg ggtgagcgtg 300
    gccgcccgcg tggcacagaa gatgtcgttt ggcttctaca agtacagcaa catggagttt 360
25  gtgcgcgatg agggccccca gggcaagggc cagcccgaga tggcggtcag ccgagtgtct 420
    acagtgaca cagccccctg tgggactgaa gaggactcca gccagcttc gccatgcac 480
    gagcgggtga cctccttcag cagaccccc accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540
    ttctcccatc cctcaagag gaagggtgcc cggaaccgga tcgctgagat gaagaagtgc 600
    cactcgacca acgacagcga ggagttcttc cgggaggacg acggtggagc cgatctgcac 660
30  aatgcaacca acctgcggtc tcgggtccctg tcgggcacag gacggtccct ggtcgggtcc 720
    tggctgaagc tgaacagagc agatggaaac ttcttctct atgcacactt aacctacgtc 780
    acgttgccgc tgcatcggat ttaacagac atcctggaag ttcggcagaa gccatcctg 840
    atgacctagc cgcgtgcgga gcctgcgcag agccccggcc gggcccagcc ctcgagtgcc 900
    tgccaagtgc ctacctgtcc accgccaccg gggctctgcg tggcacgcca gtgttgagc 960
35  cgcagccagg cgaggccact cgactgccgg ggccggggcc gactgcacga acaccagccc 1020
    aaactgaagt gcctctgacg ggccctgctg gcgctgcttc cgcctgtgac cc 1072
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 454 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

gtgctgcatg gaggtagtgg cggcatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60
aggacccgcc aggaggggca tcacggaggc ttctggacga cttggagctg tgcctgggg120
10 agaaaaccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggagga agctgccatg cacttttccc180
tggcattttt cctgcatggt tcgtctgttt ttttgcaaat aacatgttgt catgaatttt240
tatgcatgag gcatatttca tcatgtctgt atgtgaagt ccccttcac ctttcaattg300
gttggtggac aggagagaga ggtccaaggt gccctacatc gtgcgccagt gccgtgggag360
gagatcgagc gccgaggcac ggaggaggtg ggcatctacc gcatgtctgg ggtggccgca420
15 gacatccagg cactgaaggc agccttcaac gtca 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 700 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

40

cttgctggag ccctaaccag gggtatctct gagcctgggt ggatccccgg agcgtcacat 60
cactttccga tcacttcaaa gtggttaaaa actaatatct atatgacaga agaaaaagat120
gtcattccgt aaagtaaaca tcatcatctt ggtcctggct gttgctctct tcttactggt180
tttgacccat aacttcctca gcttgagcag tttgttaagg aatgagggtta cagattcagg240
45 aattgtaggg cctcaaccta tagactttgt cccaaatgct ctccgacatg cagtagatgg300
gagacaagag gagattcctg tggatcatgc tgcattctgaa gacaggcttg ggggggccat360
tgcagctata aacagcattc agcacaacac tcgctccaat gtgattttct acattgttac420
tctcaacaat acagcagacc atctccgggtc ctggctcaac agtgattccc tgaaaagcat480
cagatacaaa attgtcaatt ttgaccctaa acttttgtaa ggaaaagtaa aggaggatcc540
50 tgaccagggg gaaatcatga aacctttaac ctttgcaagg ttctacttgc caattctggg600
ttcccagcgg caaaggaagg cccgtttaca tggggttgat gatgttattt gtggcagggtg660
ggattttttg ccctttacat tacagcagtg aggcgggggc 700

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

25 ccggcctgcg gtgggagcga gctcagggtc tccaaatcat tgcgtagttc cgaataccct 60
 cgccacacacc tggccttctc catgctcgga ataacttctc gcagcgacca acaggctaaa120
 gagggggaag ggatccagca ccggctctc ctccggcaac cacggtggga gcggcgagg180
 aaatggacat aaaccgggt gtgaaaagcc agggaaatgaa gcccggggga gcgggaaatc240
 tgggattcag ggcttcagag gacagggagt ttccagcaac atgagggaaa taagcaaaga300
 30 ggccaatcgc ctccctggag gctctggaga caattatcgg ggcaagggt cgagctgggg360
 cagtggagga ggtgacgctg ttggtggagt caatactgtg aactctgaga cgtctcctgg420
 gatgtttaac ttgacactt tctggaagaa ttttaaatcc aagctgggtt tcatcaactg480
 ggatgccata aacaagaacc aggtcccgcc cccagcacc cgagccctcc tctacttcag540
 ccgactctg gaggatttca aacagaacac tctttctc aactggaaag caattattga600
 35 ggtgctggac gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccgagtcag aactacaatt660
 acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtgggaagta ctcagtcaag acccctgcaa720
 agggggggag tctcaccttc tctctcggtc tcccgggtgc aacctgggcc tgcttgagtc780
 tgggtgaagt ttggtgaag caatttctt caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840
 actgggttcg tcaagggaag ctcttcccc ctttggggcc cccagccttg tggcaggccc900
 40 ctgggcccg gttg 914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1669 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```
gagctgcagc agagcaggta acagctcttg cacctgtttc tcttgacact gacgtgcagc 60
tgctcctacc cacctctcct ggctgagcct tgctgatac agcagcccgg aggcaccact 120
15 tgcttcccga gtctcaccct cccaggcagc tctacactc aactgcttct ctaggaaagg 180
tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaagcc ccaccttgg cttaggggagc 240
gccatgacga ctgaaattgg ttgggtggaag ctgactttcc tccggaaaaa gaaatccact 300
cccaaagtgc tgtatgagat cctgacacc tatgccaaa cagagggaga tgcagaacc 360
ccgaggcctg acgctggagg cccaacagc gactttaaca cccgcttga gaagattgtg 420
20 gacaagagca caaaggga gacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480
aagaaagtga gagccacgct ggcagagaac ctaacctct ttgatgatca cgaggaagga 540
cgtcatcaa agtgaagggc tgaggagggt gctagacct cttggctccc tgccatcagc 600
cagatctgag acaggacctt gccacgctgg cctctttggc catagctgaa gctgtggggc 660
cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttat gtgccgccac 720
25 ttttgtaagg cctgggagat cccagggtcc tccacctcc cctgaccac atacaaaggc 780
actctagttc aagagtgaag agtctcacc aggaggaaca gccctccttg aagcaatggc 840
agggccagca gggagggtgg catggcagg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900
ctccttactg gacacagggt caagggcgag tttcaattgc tgctcccttt actttctcta 960
cctgtgacta ctccctggac caatcctgag gagggcacat tttccagaag ccacgtgata 1020
30 ggggctggtt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctctaacac 1080
cggcagtaaa ctctctggaa ctttgccctc aggtgaggag gggacagagg accctggcac 1140
tctgttaggg tgctgtagaa gactagattg atggtagttt ggctgttag ttctgtttt 1200
ggccatgact tttgcagatg gcaagtcaca caccctcaa gggaagctac acgggcaaaa 1260
tcgggggagt ggggtgggaa ttttctcctc tccctttcct actataatag tatttaagac 1320
35 atatcagctc cagagatgag tcctggagcc ttgaattttg ttttaaaaaa taattgtagg 1380
tttctctctg taataacaac gctggaaaag cagagaacct cttttatgct catgtcttgc 1440
atattattgag atgactgttt ctcatgcctt tatgttcctt catgtaagta aagtggacct 1500
ttgtgctcaa aaaaaaatt tcaagcttca ggaaggggtt cccaaggtgt gacaatgtag 1560
gaacctgggt cactaatttt taccatcaaa ctagcctta gtatggggat ggggcaagca 1620
40 gaaggagcta gttacacctc agtggtcagt tctctccagt caacagaga 1669
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 355 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

10 ccggcctccc ctcgctctga ggctcggggg ccccagctcc gcgtaaactg cacgatttcg 60
ccctctgtct agctccccctc tgccccctct ttccaagaga gacttcacaga tcccacattt120
tcttgactga ttttgaagct gtctgtttgc attctgattg ggaacactgg gatcattttc180
atcatgccga cagtgggtgt aatggatgta tccctttcca tgaccgcacc tgtgtctatt240
gaggggtccg aggaatacca gcgtaagacc tagcagccca tgggttaacg atgcttggtt300
15 tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca cttgtggttt ttcca 355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2628 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42

40 ggggtgcgct gctttcgccc tctttctcca gcgggagggg cgcggacttc cgcggggcgg 60
agtccgtcta gtgctgacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gcgggctgca 120
cattcccggt gttgcgttgc gtttccttcc tctttcactc cgcgctcacc gcggcgccca 180
aagcggcgcc gacggcgccg cgagaacgac ccggcgccca gttctcttcc tcttgcgcac 240
45 ctgcctgct cggtcagtc gtcggcgccc ggccgccggc ttgtgtcag acctgcgct 300
tgccgcgccc aggccagcg gccgtagcta gcgtctggcc tgagaacctc ggcgctccgg 360
cggcgcgccc accacgagcc gagcctcgca gcggctccag aggaggcagg cgagtgcgcg 420
agtccgaggg gtggccgggg cagggtggtg cgccgcgaag atggtcgcca agcaaaggat 480
ccgtatggcc aacgagaagc acagcaagaa catcaccag cgcggcaacg tcgccaagac 540
50 ctcgagaaat gcccccgaag agaaggcgctc tgtaggaccc tggttattgg ctctcttcat 600
ttttgttgct tgtggttctg caattttcca gattattcaa agtatcagga tgggcatgtg 660
aagtgcactga ccttaagatg ttccattct cctgtgaatt ttaacttgaa ctcttctg 720
atgtttgata cctgggtgaa aaacaattca gtaaagcatc ctgcctcaga atgactttcc 780
tatcatgctt catgtgtcat tccaagggtt cttcatgagt cattccaagt tttctagtcc 840

```

ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaagc aataaaattt gattgttaag 900
atacagtagt ggaccctact tattcagtc aattaagagta agttttttta tgtggttatt 960
aaaacagtat gaacaattag tctaactctg catagacagg gtctagattt tgttaacca1020
aatgtataac tgcagtttagc tttaattaca atttgaagtc ttgtggtttt tataatagcta1080
5 ggcactttat tactcttttg aactgaaagc acactccctt ataggttcat gtaactgtcc1140
tgtaataagg tgcttataaa tggacaact acacagccta gttttgccac aaccttttagc1200
atctaaaaag ttttaaaagc ttctaaatgt ctaataataa gggagatgct tatagccaca1260
acatctattt taccaatatt gtttccatta cactaccttg gattttgcat gagtgtat1320
agtaaccocaa gatgccataa aaaaaaactt gatcgtttt tgacttaatc agttactgtg1380
10 gtttcactaa aagctaccgt ggtggagtga agtcagtcag ggaagggttg tttatgttac1440
atatttttca ccagaactat tttaatatat caaaggggtt tactatgcca aacaaaattc1500
tagggaaaaa tactgtctaa aatggatgcc tcatcagaac atgtgttga gtccaatgtg1560
ccataagaca ttttagcatg tttaaatagca cttttaatag caaaaaaagg cacatcaact1620
gcgaagtat ccttagtttg caaatgcttt ttctagatta atgatttttc aatcattagg1680
15 gtactagaca catcagccta aagtggcctc tgggaattgaa tggatttact gataatgatc1740
agtcttttagt cttccctttg ttatatgact ttataggtta tgattgatca aatttacgtt1800
ttactaatgg taagggtgag ggtcataggg cagggttttg gttttctagt actgttgaaa1860
actgcaagta ttggctattt gtatacttag ccataacttg gtgaaaaaaa acctgagcag1920
tgtctatgta ttaatgcgtt ggaaagaaag ctgcttgtgt ttgctttgtt aattgcctca1980
20 ggatatttct tttaaaataa gctgttttaa gaggaacaga agggaaatct gctacctagt2040
ctatacacag cgtgaacctc acagggggct tctgataccc tcaaaccatgg agaacagtaa2100
gggagcagag tggtaagga ctttcaggaa ctttaactatt ctggaataag gaatgaatca2160
actgaccttg ggccagcagg tttttaacta aattgttact tgcctttctc acccagttaa2220
tcagtctctg tacttgtttc cctttttgaa acaagtgtct tggttaacta attctgtttt2280
25 atggtgtgtg taaattcata gcagggtgct tattctttgc ttttagtcaa accattccat2340
atcagaattt tccttggttt actatagata tttggcttta agttgttgtt tgtgtttttt2400
aatgtacaat gttctgataa atttgactgt taaattgcta tagctagcaa tcattttaca2460
tatgtaaaaa tgcatccct ttgtatttca tgtgtaattc accaattaaag tgcagtttat2520
attcaggttg gattatgcat gtttaggtta acgaaagctg tgtcttactt gatttattct2580
30 ttaaaaaata agttccctga atatttgaaa aaaaaaaaa aaaaaaaa 2628

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 2535 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

55

```

agttcggcac agggggagga acctggccct gggaggaggc tgttgctgct tectacagaa 60
tcccgttctg aagggaagag catgtttgct ggcgtcccca ccatgctgta gagctcccc 120

```

```

5 aaacagtaca tgcagctcgg aggcagggtc ttgctgggtc tgatgttcat gaccctcctt 180
  cactttgacg ccagcttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgatgatt 240
  ttagtggcca ttggttttaa aaccaagctg gctgctttga ctcttggtgt gtggctcttt 300
  gccatcaacg tatatttcaa cgccttctgg accattccag tctacaagcc catgcatgac 360
10 ttctgaaat acgacttctt ccagaccatg tcggtgattg ggggcttgct cctgggtggtg 420
  gccctgggcc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaga aggagtggta acagtcacag 480
  atccctacct gcctggctaa gaccctgggc cgtcaaggac tggttcgggg tggattcaac 540
  aaaactgcc a gcttttatgt atcctcttcc cttccccctc cttggtaaag gcacagatgt 600
  tttgagaact ttatttgcag agacacctga gaatcgatgg ctgagtctgc tctggagcca 660
15 cagtctggcg tctgacctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaagcc tccccacgc 720
  cgaggctttg gagtgaacag cccgcttggc tgtggcatct cagtcctatt tttgagttt 780
  tttgtggggg tacaggaggg ggccttcaag ctgtactgtg agcagacgca ttggtattat 840
  cattcaaagc agtctccctc ttatttgtaa gtttacattt tttagcgaaa ctactaaatt 900
  attttgggtg gttcagccaa acctcaaaac agttaatctc cctggtttaa aatcacacca 960
20 gtggctttga tgttgtttct gccccgatt gtattttata ggaatagtga aaacatttag1020
  ggacacccaa agaattgatc agtattaaag ggtggttaga agctgctgtt tatgataaaa1080
  gtcacgggtc agaaaatcag cttggattgg tgccaagtgt tttattgggt aacacctgg1140
  gagttttagt agcttgaggc aaggtggagg ggcaagaagt ccttggggaa gctgctggtc1200
  tgggtgctgc tggcctccaa gctggcagtg ggaagggcta gtgagaccac acaggggtag1260
25 cccagcagc agcaccctgc aagccagcct ggccagctgc tcagaccagc ttgcagagcc1320
  gcagccgctg tgggcagggg gtgtggcagg agctcccagc actggagacc cacggactca1380
  acccagttac ctcacatggg gccctttctg agcaaggctc cgaaagcgca ggccgacctg1440
  gctgagcagc accgcccctt cccagctgca ctgcacctgt ggacagcccc gacacaccac1500
  tttctgagg ctgtcgctca ctcagattgt ccgtttgcta tgccgaatgc agccaaaatt1560
30 cctttttaca atttgtgatg ccttacgat ttgatcttaa tctgtattt aaagttttct1620
  aacactgcct tatactgtgt ttctctttt gggggagctt aactgcttgt tgctccctgt1680
  cgtctgcacc atagtaaatg ccacaagggt agtcgaacac ctctctggcc cctagacct1740
  tctggggaca ggctggctca gccgtgtccc agggctgctg cggcccagcc ccgagcctgc1800
  ctccctcttg gcctctcatc cattggctct gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgctc1860
35 ataagtgtt ttggaagtca cctaccttt taacacagcc gaactagtcc caacgcgttt1920
  gcaaatattc ccctggtagc ctacttccct accccogaat attggtaaga tcgagcaatg1980
  gcttcaggac atgggttctc ttctcctgtg atcattcaag tgctcactgc atgaagactg2040
  gcttgtctca gtgtttcaac ctcaccaggg ctgtctcttg gtccacacct cgctccctgt2100
  tagtgccgta tgacagcccc catcaaatga ccttggccaa gtcacggttt ctctgtggtc2160
40 aaggttgggt ggctgattgg tggaaagtag ggtggacca aggaggccac gtgagcagtc2220
  agcaccagtt ctgcaccagc agcgcctcgg tctagtggg tgttctgtt tctcctggcc2280
  ctgggtgggc tagggcctga ttcggaaga tgcctttgca gggaggggag gataagtggt2340
  atctaccaat tgattctggc aaaacaattt ctaagattt tttgctttat gtgggaaaca2400
  gatctaaatc tcattttatg ctgtatttta tatcttagt gtgtttgaaa acgttttgat2460
  ttttggaac acatcaaaat aaataatggc gtttgttga aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2520
  aaaaaaaaaa aaaaaa 2535

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 805 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

10 ggcacgagcg gcacgagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtacaac 60
cacgatgggg aagcaggteg gctggaggct tttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa120
cccaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac180
ttgcagggct tccagatcct gtgtgacctg cacgatggct tctctggggg aggcgcgaag240
gcggcagagc tgctacaaga tgaatattca gggcggggaa taataacctg gggcctgcta300
cctggtcctt accatcgtgg ggaggcccg agaaacatct atcgtctatt aaacacagct360
tttggtctcg tgcacctgac tgctcacagc tctcttgtct gcccttgtc cttgggtggg420
15 agcctggggc tcgacccga gccacctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact480
ctgcccttcc actgcagtgc catcctggct acagccctgg acacagtac tggtccttat540
cgctgtgtt cctctccagt ttccatggtt catctggctg acatgctgag cttctgtggg600
aaaaaggtgg tgacagcagg agcaatcatc cctttccctt tggctccagg ccagtccctt660
cctgattccc tgatgcagtt tggaggagcc acccatgga cccactgtg tgcatgtggg720
20 gagcctctg gaacacgttg ctttgccag tcagtgtgc tgaggggta tagacagagc780
atgccacaca agccacagac ttaat 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

50 cggaagtagc cgcaggcatg gcggcggtta tgccgctgtt gctctgctcg tcctgttgct 60
cctggggccc ggcggtgtgt gccttgacaga acccccacgc gacagcctgc gggaggaaact 120
tgtcatcacc ccgctgcctt ccggggacgt agccgccaca ttccagttcc gcacgcgctg 180
ggattcggag cttcagcggg aaggagtgtc ccattacagg ctctttccca aagccctggg 240
gcagctgac tcgaagtatt ctctacggga gctgcacctg tcattcacac aaggcttttg 300
gaggacccga tactgggggc cacccttctt gcaggcccca tcaggtgcag agctgtgggt 360
ctggttccaa gacactgtca ctgatgtgga taaatcttgg aaggagctca gtaatgtcct 420
ctcagggatc ttctgcgcct ctctcaactt catcgactcc accaacacag tcaactccac 480
55 tgctccttc aaaccctgtg gtctggccaa tgacactgac cactacttcc tgcgctatgc 540

```

tgtgctgccg cgggaggtgg tctgcaccga aaacctcacc ccctggaaga agctcttgcc 600
ctgtagttcc aaggcaggcc tctctgtgct gctgaaggca gatcgcttgt tccacaccag 660
ctaccactcc caggcagtg c atatccgcc tgtttgaga aatgcacgct gtactagcat 720
ctcctgggag ctgaggcaga ccctgtcagt tgtatttgat gccttcacga cggggcagg 780
5   aaagaaagac tggccctct tccggatgtt ctcccgaacc ctacaggagc cctgccccct 840
ggcttcagag agccgagctt atgtggacat caccacctac aaccaggaca acgagacatt 900
agaggtgcac ccacccccga ccactacata tcaggacgtc atcctaggca ctcggaagac 960
ctatgccatc tatgacttgc ttgacaccgc catgatcaac aactctcgaa acctcaacat1020
ccagctcaag tggaagagac cccagagaa tgaggcccc ccagtgcctt tcctgcatgc1080
10  ccagcggtag gtgagtggct atgggctgca gaagggggag ctgagcacac tgctgtaca1140
caccaccca taccggcct tccgggtgct gctgctggac accgtaccct ggtatctgc1200
gctgttacat ccactaccag cctgccagg accggctgca accccacctc ctggagatgc1260
tgattcagct gccggccaa                                     1279

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1923 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

gcgcaagaca caggaggccc aggcggcgag tcaggacatg gcggcgattt gcagattcca 60
40  atctctctgt ttctgcggcg attgaacacc caacattggc gaccgggatc gcggaagtgt 120
atggtgtgctg tcccggcgtc tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atattcttaca 180
attaaagaca gaataccaca gatcttaact aaggttattg atacattgca tcgacataaa 240
agtgaatttt ttgagaaaca cggagaggaa ggcgtggaag ctgaaaagaa agctatctct 300
ctcctttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaac catttatccc cttgggtgag 360
45  aaatttggtg atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaaat 420
gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtggg tgttggtaga atgttacatg 480
tatcgaagaa ttcatagaagc aattatccag agtccacca tgcattactt tgatgtattt 540
aaagaatcaa aagagcaaaa tttctatggg tcacaggaat ccatcattgc tttatgtact 600
cacctgcaac aattgataag aactattgaa gacctagatg aaaatcagct gaaagatgag 660
50  ttttttaaac tctgcagat ttcactgtgg ggaaataagt gtgatctgtc tctctcagg 720
ggagaaagta gttctcagaa taccaatgta ctaaattcat tggaagacct aaaacctttc 780
atattattga atgatattga acatctttgg tcattgctta gcaattgcaa gaaaacaaga 840
gaaaaagctt ctgctactag agtgtatatt gttctcgata attctggatt tgagcttggt 900
acagatttaa tattagccga cttctgtgtg tctctgaac tggctactga ggttcatttt 960
55  tatggaaaaa caattccatg gttgttttct gatactacta tacatgattt taattgggtal1020
attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactgggaa1080
gagtatatta aaatgggtaa atgggtttac cacaatcata tattttggac tctgcctcat1140

```


gagtactgtg caatgcctca ggttgacact gacttatatg ctgaactaca gaaggcacat1200
 ttaattttat tcaagggtga tttgaattac aggaagttga cagggtgacag aaaatgggag1260
 ttttctgttc catttcatca ggctctgaat ggcttccatc ctgcaccact ctgtaccatal320
 agaacattaa aagctgaaat tcaggttggt ctgcagcctg ggcaagggga acagctcctg1380
 5 gacctctgagc ccagctggtg gaccactgga aaatatggaa tatttcagta cgatgggtccc1440
 ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctggtgagca ccttttcatc1500
 ccagaaaaag gaggacgtga attgagtcgc ctggcggctc tgtacgcgct cagggaagct1560
 tagcttcttg gtgccatct acgtgcactg gatgattttt cttttgaaca ttttgcccc1620
 ctacactggt tttggggata gctgggttaa gcaagttaaa gatatttaca tttatattgg1680
 10 agattttaag caactttttt ttcagggtaa atatataatt tcaaagtgc tttaaatgga1740
 ccttaatttt gaagtgggtg gggccaaaaa ataaaggag ggctcctttg aggtaggtac1800
 ccttggcctt tcctaaaaag cccctcaatg ggatttagat ccgggggggt ggggttattt1860
 tccttggttt ggccatgaaa atccttgga cggcttatg cccttttgaa aaggggggtt1920
 ttt 1923

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 20 (A) LÄNGE: 706 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

40 cattttacga caggcgggat tgttttgtgg ctgtcagctt tctccgtggt ctgagtttgt 60
 ggctgcattt ttatctctgg tggctctgct acggcggcgc agaaatgagg cagaagcggal20
 aaggagatct cagccctgct gagctgatga tgctgactat aggagatgtt attaaacaac180
 tgattgaagc ccacgagcag gggaaagaca tcgatctaaa taaggtgaaa accaagacag240
 45 ctgccaataa tggcctttct gccagcccc gctggtgga tatcattgct gccgtccctc300
 ctgagtatcg caaggtcttg atgcccaagt taaaggcgaa acccatcaga actgctagt360
 ggattgctgt cgtggtctgt atgtgcaaac ccacagatg tccacacatc agttttacag420
 gaaatatatg tgtatactgc cctggtggac ctgattctga ttttgagtat tccaccagct480
 cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggaccctttt540
 50 ccttacagga caaggacacc ggattaggaa cagtttaaaa caagttgggt tcgtagtgtg600
 gggttaagtg ggagtttgtt tgtggatggg gtgggaactt tttggggccg ttccagagga660
 ttacagagtt atttttattt cggaaagttta cgtgatgggt tttccg 706

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 749 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gacctatcct catctgtgca aggaggagt gccaactctg gagcccaggc tgttgcttcc 60
tggtctggtg gtgaatcctc catagtctgg tgagtgtagt gccaactct ggagcccagg120
atgttgcttc ccggtctggt ggtgaatcct ccatagtctg gagatctcag ccctgctgag180
25 ctgatgatgc tgactatagg agatgttatt aaacaactga ttgaagccca cgagcagggg240
aaagacatcg atctaaataa ggtgaaaacc aagacagctg ccaaatatgg cctttctgcc300
cagccccgcc tggtaggatat cattgcttgc cgccccctcct cagtatcgca aggtcttgat360
gccccagtta aaggcgaaac ccatacagaac tgctagtggg attgctgtcg tggctgtgat420
gtgcaaacc cccagatgtc cacacatcag ttttacagga aatatatgtg tatactgccc480
30 tgggtgggac ctgattctga ttttgagtat tccaccagc cttacactgg gctatgagcc540
aacctccatg aggagctatt ccgtgccaga tatggaccct tttccttaca ggacaaggac600
accggattag gaacagttta aaacaagttg gggttcgtagt gtgggggttaa gtgggagttt660
gtttgtggat ggggtgggaa ctttttgggg ccgttccaga ggattacaga gttattttta720
tttcggaagt ttacgtgatg ggttttccg 749

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 857 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

accttacc aa ggggagaaaa aaaccctcca ctttggtcca ctgtgggttt ggcactaaga 60
ggcacgatat ctgaaggagg tcattccagt tttaaaagta cggacagtgc tgttggaact120
gaccacaaaa atgtattgtt aaaaaaaat tgaaaaccag cagtgtatttg ggtccccctg180
10 aaacctctgt gaatcggagg tgggccagg aggggtgcagg acgcagcaga aatagtccca240
gaaaggagag acgggtcatg cagcgggctt gtgctttttt gtgtgtgttt gtgtgtttta300
caccatacat ctccaaatga agtatttatt aacaattgta gtgtaagcct gtgataaaat360
agcacaaaagg ttcttttaaag aagttcactt ttaaggcatc agaaaagtta atgtggcaaa420
catttttaatt aaaacatcag aagtaaattt tattttaaac ttaggcctc tgaatttttc480
15 cagtaaacac agttcagcta tgtggcaaag tcaatgggtg gcatctaaaa tgacttttta540
cattctacaa aaaaataaaa taaaataagg acacagcccc aaacggtgtc acctcttcgc600
ggccgctcca catgcacaga atctactagg atttgtcacg gccgggtggc acccgatttg660
ttttgactat acaacaaact tttttttcaa agtattttgt tcaggataac tttaaaaata720
atataaaaaat aaacaatgga tttgactttt ccctcaaaat tgaaaagaaa ggggtggggg780
20 gaggtgttaa ccattggcct tttttttttt ggagggggcc cattgggatt gtaaggccct840
ggggttccgg cctttcc 857

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

ccgcgcccgg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggg aagagctgcc 60
ttcatcccat acagagaata caatggtgct agactaagta gagattttat ttcagcttaa120
agattctgtt tgatgtctga aattacatgt ttaggcggca tggggaacag gactgttctt180
50 tagcatcagt ttcacaatta ctttaattcta ctaggtttca ttcaccttat aattctgaaa240
tttcatcagc agtggggaac agaaaagg 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 297 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
ctgatgtgca ctctaggtta gtaaccatth ttgtgaaaaa tttagagaaa ttctttgagc 60
agcttccact gaaacactaa aaccaatag ggccaaaggc ccataacctg aggaaacctt120
atattattgct taatccaaca taggctatga aagttttgag ttctctcttg tgtattagaal80
tttcatttctt atttgttgta gagagtatag tacggggaat cagtaaatta aatgaagtaa240
actaaagatt acacctttgc tgctggcact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 590 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

acgggtcaaaa tgataactca tgtatTTTTat tccaacaaca tttggTTTTat aaaggaatac 60
aaacaggcac aaaacatggg tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag120
atacacttag cagtcaaaaca gttgaatatt cattgctacc tcattaaagt ttttgcattct180
5  gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaatgt tcagagagct240
gtatgttctt tgttctggta tgtacatttt aaaaaaacac ctctttccag tcttgctaac300
caagaatatt agtcatataa aagaacttag aatTTTTttc cccaagtaca agctatcttt360
tgctccaaaa cagtctcgaa ggttttattt atattttatc ttatcccag ggaccaacag420
caggcatacc tttgccaggc cttcttgag aaagacacag agccgtaaag gcaaaaaataa480
10 aattgcaata agtatatgg tattgggggc agggagaacc agaaaccctc aaggggacca540
atttttagca cgttcttttt ttagggttta ccctgtggag taagaactag 590

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggctgc ctgcgtggtc cgaattcggt ggcgccacgt 60
ccgcccgtct ccgccttctg catcgcggtt tcggcggtt ccacctagac acctaacagt 120
40  cgcgagccg gccgcgtcgt gagggggtcg gcacggggag tcgggcggtc ttgtgcattct 180
tggtacctg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atcccggcga 240
tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcggcaaa ctcggcctca 300
tcagcccgcc ctacctcttc ctctggcccg aagccttctt ttatcgcttt cagatttggg 360
ggccaatcac tgccaacctt tatttcctg tgggtccagg aactggattt ctttatttgg 420
45  tcaatttata ttctttatat cagtattcta cgcgacttga aacaggagct tttgatggga 480
ggccagcaga ctattttatt atgtctctct ttaactggat ttgcatcggt attactggct 540
tagcaatgga tatgcagttg ctgatgattc ctctgatcat gtcagtactt tatgtctggg 600
cccagctgaa cagagacatg attgtatcat tttggtttgg aacacgattt aaggcctgct 660
atttaccctg ggttatectt ggattcaact atatcatcgg aggcctcggt atcaatgagc 720
50  ttattggaaa tctggttggg catctttatt ttttcctaat gttcagatac ccaatggact 780
tgggagggaag aaattttcta tccacacctc agtttttgta ccgctggctg cccagtagga 840
gaggaggagt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900
atggcggagg cgggagacac aactggggcc agggctttcg acttgagac cagtgaaggg 960
gcggcctcgg gcagccgctc ctctcaagcc acatttcctc ccagtgcctg gtgcgcttaa1020
55  caactgcgtt ctggctaaca ctgttggaac tgaccacac tgaatgtagt ctttcagtac1080
gagacaaagt ttcttaaata ccgaagaaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct1140

```

```

cattcaagtc cttactgctg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaatgac aaaactgact1200
acatttttttg gtgtcttctc ttctccccct tccgtctgaa taatggggtt tagcgggtcc1260
tagtctgctg gcattgagct ggggctgggt caccaaacc ttcccaaaag gacccttatc1320
tctttcttgc acacatgcct ctctcccact ttcccaacc cccacatttg caactagaag1380
5 aggttgccca taaaattgct ctgcccttga caggttctgt tatttattga cttttgccaa1440
ggcttggtca caacaatcat attcacgtaa ttttccccct ttggtggcag aactgtagca1500
atagggggag aagacaagca gcggatgaag cgttttctca gcttttggaa ttgcttcgac1560
ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccacttc ttcagatatt tttataaaaa agtaccactg1620
10 agtcagttag ggccacagat tggattaat gagatacag ggttggtgct ggggtgttgt1680
tccgagtaag tgagaagggt agtggattga ctac 1714

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

ctcgagccgc tcgagccgaa tggctcgag ctgaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60
agtggggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggctcctga gtcccacctg 120
gcgagagaag ggagaggcat ggagctatcc gacctgattg ttttcaatgg gaaactctac 180
40 tccgtggatg accggacggg ggtcgtctac cagatcgaag gcagcaaagc cgtgcccttg 240
gtgattctgt ccgacggcga cggcacctgt gagaaaggct tcaaggccga atggctggca 300
gtgaaggacg agcgtctgta cgtggcgccg ctgggcaagg agtggacgac cactacgggt 360
gatgtggtga acgagaaccc ggagtgggtg aaggtggttg gctacaaggg cagcgtggac 420
cacgagaact ggggtgcca ctacaacgcc ctgcgggctg ctgccggcat ccagccgcca 480
45 ggtaacctca tccatgagtc tgctgcttg agtgacacgc tgcagcgtg gttcttctg 540
ccgcgcccg ccagccagga gcgctacagc gaggaaggac gacgagcga agggcgcca 600
cctgctgctg agcgctccc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacg tcggggcggt 660
gggtccccact cacggcttct cgtccttcaa gttcatcccc aacaccgacg accagatcat 720
tgtggccctc aaatccgagg aggacagcgg cagagtgcgc tccatcatca tggccttcac 780
50 gctggacggg cgcttctgt tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggcat 840
cgagttcatt taactcaaaa cggaaacact gagcaaggcc atcaggactc agcttttata 900
aaaacaagag gagtgcactt ttgttttggg ttggtctttt tggaaactgt cctgggttg 960
aggtctggac agggagccca gtcccgggcc ccatagtggg gcgggcaact gacccccggg 1020
ccccacggag gccgcggtct gaactgcttt ccatgctgcc atctggtggg gatttcggtc 1080
55 acttcaggca ttgactcaag gcctgcctaa ctggctgggt cgtttcttcc atccgacctc 1140
gtttcttttc tttcctatgt tcttttggtc agtgaatata cctagagctc ctaccatag 1200
tcaggcccta tgctcacc ctagaacgca gtaagcatga aggtggacct ggtttgctg 1260

```

gaacccgagg gctaaccccc tttttcttcc caaatttggg gccttggaag aatcagggtcc1320
agccctgaag atccttgggg 1340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

caggattgaa acaagatggc gggttcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaattggta 60
tgcttagaag cagattctaa aagcagtttc tcttcagaac atcttttttc ataccacttg120
30 ataagcatct tgaaacacca tggctgtagc tgcagtaaaa tgggtgatgt caaagagaac180
tatcttgaaa catttatttc cagtccaaa tggagcttta tattgtgttt gtcataaatc240
tacgtattct cctctaccag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga300
tggcaggaca atagtatgct accacccttc tgtggacatt ccatatgaac acacaaaacc360
tatccctcgg ccagatcctg tgcataataa tgaagaaaca catgatcaag tgctgaaaac420
35 cagattggaa gaaaaagttg aacaccttga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa480
aatgttcttt actactaagc accgttggtg tcctcatgga cggtatcaca gatgtcgtaa540
gaatctgaat cctccaaaag acagatgatg cggaggttcc tgggggaatc aaagagaaat600
gtgcctcatt tgccatttga gaaaatgcag tctggtgtat tcagtaatat atagtaaagt660
aataatgata aaatatcttt tcatatatta gaatgtgtac ttttatataa agtaattctg720
40 gatttgacat tctcatttag ggggacctat tccttttttc gtttt 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1647 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gcagccggag taagatggcg gcgctgaggg ctttgtgcgg cttccggggc gtcgcggccc 60
aggtgctgcg gcctggggct ggagtcggat tgccgattca gcccagcaga ggtgttcggc 120
15 agtggcagcc agatgtggaa tgggcacagc agtttggggg agctgttatg taccgaagca 180
aagaaacagc ccactggaag cctccacctt ggaatgatgt ggaccctcca aaggacacaa 240
ttgtgaagaa cattaccctg aactttgggc cccaacaccc agcagcgcag ggtgtcctgc 300
gactagtgat ggaattgagt ggggagatgg tgccggaagt tgatcctcac atcgggctcc 360
tgcaccgagg cactgagaag ctcatatgaat acaagacctt tcttcaggcc cttccatact 420
20 ttgaccggct agactatgtg tccatgatgt gtaacgaaca ggcctattct ctatctgtgg 480
agaagtgtct aaacatccgg cctcctcctc gggcacagtg gatccgagt ctgtttggag 540
aaatcacacg tttgttgaa ccatcatatg ctgtgaccac acatgccctg gaccttgggg 600
ccatgacccc tttcttctgg ctgtttgaag aaaggagaa gatgtttgag ttctacgagc 660
gagtgtctgg agcccgaaat catgctgctt atatccggcc aggaggagt caccaggacc 720
25 tacccttgg gcttatggat gacatttatc agttttctaa gaacttctct cttcggcttg 780
atgagttgga ggagttgctg accaacaata ggatctggcg aaatcggaac attgacattg 840
gggttgtaac agcagaagaa gcaacttaact atggttttag tggagtgatg cttcggggct 900
caggcatcca gtgggacctg cggaaagacc agccctatga tgtttacgac caggttgagt 960
ttgatgttcc tgttggttct cgaggggact gctatgatag gtacctgtgc cgggtggagg 1020
30 agatgcgcca gtccctgaga attatcgcac agtgtctaaa caagatgcct cctggggaga 1080
tcaaggttga tgatgcaaaa gtgtctccac ctaagcgagc agagatgaag acttccatgg 1140
agtcactgat tcatcacttt aagtgtgata ctgagggcta ccaagttcct ccaggagcca 1200
catatactgc cattgaggct cccaaggagg agtttggggg gtacctggtg tctgatggca 1260
gcagccgccc ttatcgatgc aagatcaagg ctccctggtt tgcccactct gctggtttgg 1320
35 acaagatgtc taagggacac atgttggcag atgtcggtgc catcataggt acccaagata 1380
ttgtatttgg agaagtagat cgtgagcag gggagcagcg tttgatcccc cctgcctatc 1440
agcttcttct gtggagcctg ttctcactg gaaattggcc tctgtgtgtg tgtgtgtgtg 1500
tgtgtgtgtg tgtgtgtatg ttcattgaca cttggctgtc aggccttctg tgcattgtac 1560
aaaaaaggag aaattataat aaattagcgg tcttgccgcc ctaggcctaa aaaaaaaaaa 1620
40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1647

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1166 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

10

```
cgccgcctgc gcggggggga gccagcaca gaccgcccgc gggaccccga gtcgcgcacc 60
ccagcccccac cgcccacccc gcgcgccatg gaccccaagg accgcaagaa gatccagttc 120
tcggtgcccg cgccccctag ccagctcgac ccccgccagg tggagatgat ccggcgcagg 180
agaccaacgc ctgccatgct gttccggctc tcagagcact cctcaccaga ggaggaagcc 240
15 tccccccacc agagagcctc aggagagggg caccatctca agtcgaagag acccaacccc 300
tgtgcctaca caccaccttc gctgaaagct gtgcagcgca ttgctgagtc tcacctgcag 360
tctatcagca atttgaatga gaaccaggcc tcagaggagg aggatgagct gggggagctt 420
cgggagctgg gttatccaag agaggaagat gaggaggaag aggaggatgc agccaggctg 480
aagtcttgaa ggtcatcagg cagtctgctg ggcaaaagac aacctgtggc cagggtctgg 540
20 aagggccctg ggagcgccca cccctctgg atgagtcga gagagatgga ggctctgagg 600
accaagtgga agaccagca ctaagtgagc ctggggagga acctcagcgc cttccccct 660
ctgagcctgg cacataggca ccagcctgc atctcccagg aggaagtgga ggggacatcg 720
ctgttcccca gaaaccact ctatctcac cctgtttgt gctcttccc tcgctgcta 780
gggctgcggc ttctgacttc tagaagacta aggctggctc gtgtttgctt gtttgcacc 840
25 ctttggtgta taccagaga acctgggcac ttgctgctg atgccaccc ctgccagtca 900
ttctccatt caccagcgg gaggtgggat gtgagacagc ccacattgga aaatccagaa 960
aaccgggaac agggatttgc cctcacaat tctactcccc agatcctctc ccctggacac 1020
aggagacca cagggcagga ccctaagatc tggggaaagg aggtcctgag aaccttgagg 1080
tacccttaga tccttttcta cccacttcc tatggaggat tccaagtcaa catttgtctg 1140
30 aacggcttgt aacagggttc aggttg 1166
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 487 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

ctcagatcgg tggacgtgct cgcctccact cggggccagg tctatgtccc gggttcccgc 60
 agtcgcgggc agggcgccaa ggccgcagga ggagggtgag cgggtcaagag acctccaggal20
 agagcggctc tcggctgttt gcatcgccga tagagaagag aaaggatgca cgtcccaggal80
 5 gggagggaact actccaactt ttcctattca gaaacaaaga aaaaagatta ttcaagctgt240
 gagggacaat tcattcctta ttgttactgg aaatacagga agtggtaaaa caactcaact300
 cccaaaatat ctatatgaag cagggttttc acaacatggg atgattgggt taactcaacc360
 acgaaaagta gctgctatat cagttgctca gagagtagct gaagaaatga aatgcacttt420
 10 gggatccaaa gtaggatacc aagttcgttt tgatgattgc agttctaagg agacagcaat480
 caaatat 487

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

35

aaactgtgta atgcccatg taatccataa aattttaact tttccccta acgtttttgc 60
 tgaaaaatgt tgggaaaccc tcaacacgcc ttcctgaaaa caattaaaaat acttgaaacc 120
 tgtgaacctt tcaaaaaacc ctcagggttg gaaaagaccc ccaaaccctc ttttaaggat 180
 catttgtctc gccatcaca ggatcttgga aatgtttccc taggtgtgtg aaaaattaac 240
 40 ccagggggga atgaagcaca tttttctggc aaccaaactt gagttcctca gagaacagat 300
 gcagagagac ctgctcctgc ttgcccggtc acaggggcca ctgtggagtc aactgaggc 360
 tgtgaccggc cataagocca ggagagcccg tggcagctgt gccgaggcgc caggacctct 420
 aagcgggaagc ttcccaagct aggaatggag caacactgca atgaaatgtg tccaccaagc 480
 tcattgttcc tcccgggtgc ttataaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaataca 540
 45 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctacacaggca taagacacaa 600
 attatatatt gttatgaagc actttttacc aacggtcagt ttttacattt tatagctgcg 660
 tgcgaaaggc ttccagatgg gagaccatc tctctgtgtc tccagacttc atcacaggct 720
 gctttttatc aaaaagggga aaactcatgc ctttctttt taaaaaatgc tttttgtat 780
 ttgtccatag gtcactatac atctgagctt tataagcgcc cgggagggaac aatgagcttg 840
 50 gtggacacat ttcattgcag tgttgctcca ttcctagctt gggaagcttc cgcttagagg 900
 tcttgccgcc tcggcacagc tgccacgggc tctctgggc ttatggccgg tcacagcctc 960
 agtgtgactc cacagtggcc cctgtagccg ggcaagcagg agcaggtctc tctgcatctg1020
 ttctctgagg aactcaagtt tggttgccag aaaaatgtgc ttcattcccc cctggttaat1080
 ttttacacac cctaggaaac atttccaaga tcctgtgatg gcgagacaaa tgatccttaall140
 55 agaaggtgtg gggcttttcc caacctgagg atttctgaaa gggttcacagg ttcaatattt1200
 aatgcttcag aagcatgtga ggttcccaac actgtcagca aaaaccttag gagaaaaactt1260

aaaaatatat gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaagggal320
 aaaccttcaa agcatgtttc tttccctcac cacaacagaa catgcagtac taaagcaata1380
 tatttgtgat tccccatgta attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct1440
 aagatgacca tgcgcccttt cctctgtaca tataaccctta agaacgcccc ctccacacac1500
 5 tgcccccag tatatgccgc attgtactgc tgtgttatat gctatgtaca tgtcagaaac1560
 cattagcatt gcatgcaggt ttcatttctt ttctaagatg gaaagtaata aaatatattt1620
 gaaatgtacc 1630

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1272 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

tgccgcgcgag cccgtgtccc caccggcgggc agcagcggcg gcggcggcgg ctgaacgcgg 60
 agggggcgga gggagcccgc ggcggcggca gcagctacag cgaaatggcg gagaccgtgg 120
 35 ctgacacccg gcggctgatc accaagccgc agaacctgaa tgacgcctac ggacccccca 180
 gcaacttcct cgagatcgat gtgagcaacc cgcaaacggt gggggtcggc cggggccgct 240
 tcaccactta cgaaatcagg gtcaagacaa atcttcctat tttcaagctg aaagaatcta 300
 ctgttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcgaag tgaattagaa agagagagca 360
 aggtcgtagt tccccgcctc cctgggaaag cgtttttgcg tcagttcctt ttagaggaga 420
 40 tgatggaata tttgatgaca attttattga ggaaagaaaa caagggtcgg agcagtttat 480
 aaacaaggtc gctggctatc ctctggcaca gaacgaacgt tgtcttcaca tgtttttaca 540
 agatgaaata atagataaaa gctatactcc atctaaaata agacatgcct gaaatttggc 600
 aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaact 660
 tttagcatgc tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tatactaaca ctcatatgct 720
 45 cagttttgtt ttgttttggc agttgacaag aagttaattt gctttagtaa aaatccctca 780
 ttccagcctt tctatataaa tagctctttc ttgctgtttt aatgtggtgc acactatagg 840
 ctacacaaac tgttattcca gtgtaattcg cagtgtcgtg actaaagtta ctggcttggg 900
 cttattttgca cagtttttgc gtcttgtttg cttcttgcct ctgattaact agaataattc 960
 tctttccccc tttaatttg tgatgtcact tgacccatt tatgtgtagg agcactacac1020
 50 cattggtttc caatactgca cacataagat acatacttgt gtgcagaaag tatcttcctc1080
 caggcttgta atacccttca catggaagat taatgagggg aatctttata ttctgtataa1140
 aaacaaaagc aaattttatat actaaaatca tttgtctaaa aatttaagtt gttttcaaat1200
 aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaa aagaaaaaga aaaaaagagg1260
 ggcggccgct ct 1272

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

25 tgcagcgcgt gcggtgctgcg ctactgagca ggcgcattgga ggactctgaa gcaactgggct 60
tcgaacacat gggcctcgat ccccggtccc ttccagctgt caccgatctg ggctggctgc 120
gaacctacgt gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg 180
ctcgggccccg cacggggtccc ggggaagcgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt 240
tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300
30 ttctaccacaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact 360
gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag 420
ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact 480
tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttgggtggtg gacgaagctg 540
accttctttt ttcttttggc tttgaagaag agctcaagag ttctctcttg gaaggcagag 600
35 tcaacttggcc cggatttacc aggcttttct catgtcagct acttttaacg aggacgtaca 660
agcactcaag gagctgatat tacataaccc ggttaccctt aagttacagg agtcccagct 720
gcctgggcca gaccagttac agcagtttca ggtggtctgt gagactgagg aagacaaatt 780
cctcctgtctg tatgccctgc tcaagctgtc attgattcgg ggcaagtctc tgctctttgt 840
caacactcta gaacggagtt accggctacg cctgttcttg gaacagttca gcatccccac 900
40 ctgtgtgctc aatggagagc ttccactgcg ctccagggtgc cacatcatct cacagttcaa 960
ccaaggcttc tacgactgtg tcatagcaac tgatgctgaa gtccctggggg ccccgatcaa1020
gggcaagcgt cggggccgag ggcccaaagg ggacaaggcc tctgatccgg aagcaggtgt1080
ggcccggggc atagacttcc accatgtgtc tgctgtgctc aactttgatc ttcccccaac1140
ccctgaggcc tacatccatc gagctggcag gacagcacgc gctaacaacc caggcatagt1200
45 cttaaccttt gtgcttccca cggagcagtt ccacttaggc aagattgagg agcttctcag1260
tggagagaac aggggccccca ttctgtctcc ctaccagttc cggatggagg agatcgaggg1320
cttccgctat cgctgcaggg atgccatgcg ctcagtgact aagcaggcca ttccggaggc1380
aagattgaag gagatcaagg aagagcttct gcattctgag aagcttaaga catactttga1440
agacaaccct agggacctcc agctgctgcg gcatgacctc cctttgcacc ccgcagtggt1500
50 gaagccccac ctggggccatg ttcttgacta cctggttctc cctgctctcc gtggcctggt1560
acgccctcac aagaagcgga agaagctgtc ttctcttctg aggaaggcca agagagcaa1620
gtcccgaac ccactgcgca gcttcaagca caaaggaaaag aaattcagac ccacagccaa1680
gccctcctga ggttgttggg cctctctgga gctgagcaca ttgtggagca caggcttacal740
cccttcgttg acaggcgagg ctctggtgct tactgcacag cctgaacaga cagttctggg1800
55 gccggcagtg ctgggcccct tagctccttg gcacttccaa gctggcatct tgccccctga1860
caacagaata aaaatttttag ctgccccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1914

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 608 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

25 aatggaacca ggaattctta attaagcccg aagttcccaa gtctccttag cggaaaccgg 60
aaattgcccc aggaaagcaa agagggagat gaccagtgat acctccagtg ccagagggtca120
ctttgtggag ccaaatgCGT gacatgggca gtcgagactc ggcattcttct gtcccccgca180
ttaatgactc tcaggaagga ggaatgtaatt caaggcaagt ttctaattcc gaagctgcct240
30 gttcatgtta acaggacttc tttttattcg tcaagatgta ctggttccct ggcaccttaa300
gggaaatcct gataaaggca aacctgttga gccatttgggt cccataggat cccaggaccc360
aagtctctgtg tttcatcggt actaccatgt gtcccgtag ggagaactgg aaggtgcctg420
caggactgtg agtgaatgca gaattctgca aagctactac gatcaaggaa actggtgtgt480
gattcttcaa aaggcctgat tatttacctg aacacatcat atataaagaa gaaatgctca540
35 cttaaaaaaa aaagagggga taaattaatt acccgtttaa ttaaagagaa aacttgtggg600
gaagtacc 608

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2674 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```
10 tgaagagaag ttaagggtgaa gagccgaaga gctgatgctg tgatgagcgt ctaagaaagg 60
   agaagcaaga gcagagaaga gagagagaaa gaacgggaga gagaaaggga agaaagagaa 120
   aggaaaagac gaagggaaga ggaagaaaaga gaaaaagaaa gggctcgtga cagagaaaga 180
   agaaagagaa gtcgttcacg aagtagacac tcaagccgaa catcagacag aagatgcagc 240
   aggtctcggg accacaaaag gtcacgaagt agagaaagaa ggccggagcag aagtagagat 300
15 cgacgaagaa gcagaagcca tgatcgatca gaaagaaaac acagatctcg aagtcgggat 360
   cgaagaagat caaaaagccg ggatcgaaag tcatataagc acaggagcaa aagtcgggac 420
   agagaacaag atagaaaatc caaggagaaa gatctgatga taaaaaaagt 480
   agtgtgaagt ccggtagtcg agaaaagcag agtgaagaca caaacactga atcgaaggaa 540
   agtgatacta agaattgagg caatgggacc agtgaagaca ttaaactctga aggtgacact 600
20 cagtcgaatt aaaactgacg tgataagacc tcagatcaga cagaggttaag tgtattgttt 660
   ctcaactttga ttagggtctt ttgttactgt ttgacagtgc agcgttaagta tgcacagatg 720
   aagatggaac taagccgagt aagaagacat acaaaagcct cttctgaagg aaaagacagt 780
   gtagtcctgc aaaacatttt gaggtacatt gttttgtctc agctattttg tagcagactc 840
   gtgcccccat tagtgtgcct ctttggaaat tatcgccac atttgtaata tagtcgccat 900
25 tgaaaagtta attatccttt ttttagggat tttgatgtca tttctttttt ttttttaata 960
   aaaaggttga actgtttttt tttttctttt tgggtattaag tccatcttgt gttggtacat1020
   tggcagagac atatgcttta aaaacttaaa tatttcggag gcacatgttg gactactttg1080
   ttttaattaa actgctagta tttctttgtc aaggatgttt ctagtttttt gctttattgc1140
   cttgcattct atgcagttt gttctgtaac tcgagagcca gtagcattgg attgatggaa1200
30 gtgtagggtt tatgaattat tgcagctgac taccatacct cacacagcgt tgggtgtgtg1260
   agcggcccat gaaaagccaa attaaaaatc aaggattcag tcaactaag caggtactca1320
   tgccaggtac tcctttctct acccacatcc atgtttgaat gctattgcct gtgatcttta1380
   cgcttaactg ttgtgtatct tttttgttct ttacaagaag tgcagagggg tttttgtgt1440
   attgctgtaa aacttataaa acaaatgtta acagaatgga attttttttc aactgtatgt1500
35 agggctgcag tgggtggccag aattagatat ctttaaagaa ttttaaatat aataaacact1560
   tcatattatt cgccttgtaa cactcaatgc aattctcaag tctataagag gtatgtgctt1620
   aatatttcct actgtgtagg agaatttgca gtcagccata ggtatgtagg aatagtcact1680
   cactggctga tacatttaaa gcagcagtggt gaatagcaag gacagacacc ttcaatttgt1740
   gaaatcaaag aactgatgca ctatatagaa cgaatttggg tttttaaaga aatattaaaa1800
40 gttagggtact gtaagtgttc ttaaaacctg taaacttcat tctgtgggct agtgggtgtg1860
   gacaaaatat tcctaataaa aggaagtacc aattagttga tttgttgggt gcattcccc1920
   tttgggaaaag caatgtaagg ttatgtctgt gtatgtcatt cacacttagg caagcataca1980
   caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa ttaaaaagaa tacaagcatt2040
   ccatgtacac atgttaatta gcagtttagt actgggccaa cactttctca taaaaattgg2100
45 ccttttacat gttgtctaata tatcattttt ccccaaattt tgcgtttag gactactgtt2160
   cgaagatttt tggagaataa ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat ttaaaaaatg2220
   aggtgaaaga aagctatagt ggcatagaaa aagtataaag ctcagttagt tttttatta2280
   ttattattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgacctt ccagatttca gaacatgtgt2340
   taatagtata tatgccactg aaaacttagg tcctgtatca tacttttttc ttttaagactt2400
50 ttttaagaaat attacttaaa catgtggctt gctcagtggt taattgcaag ttttcaatct2460
   tggactttga aaacaggatt aaacgttagt attcgtgtga atcagactaa gtgggatttc2520
   atttttacaa ctctgctcta cttagccttt ggatttagaa gtaaaaaata agtatctctg2580
   actttctgtt acaaagttga ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatctttttc2640
   taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa 2674
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 326 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```
gacaaatgag gggttgccat gcagctcgtc atcttaagag ttactatctt cttgccctgg 60
tggttcgccg ttccagtgcc cctgctgca gaccataaag gatgggactt tggtgagggc120
tatttcacac aatttttccct gaccgagaag gagtcgccac tccttaccga ggagacacaa180
25 acacagctcc tgcaacaatt ccacgcgaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat240
gcttctgcta cagcagcccc actgtggggg gctgatggg tccgacaact gcatctcgcc300
aggaagatgc aagtggatta agcaca                                     326
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

ctcgtgcggt gatgttgagc agaagataca attcaaaaga gaaacagcca gtttgaaact 60
gttaccacac cagccccgaa ttgtggagat gaagaaagga agcaatggct atggtttcta120
tctgagggca ggctcagaac agaaaggtca aatcatcaag gacatagatt ctggaagtcc180
5 agcagaggag gctggcctga agaacaatga tctggtagtt gctgtcaacg gcgagtcctgt240
ggaaccctg gatcatgaca gtgtggtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
actgttggtg gtagacaaag agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
tctctactat caaagtcaag aactgcccaa tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
tcccacttct ctggaagtct caagtccacc agatactaca gaggaagtag atcataagcc480
10 taaactctgc aggtctggcta aagggtgaaa tggctatggc tttcacttaa atgcgattcg540
gggtctgcca ggctcattca tcaaagaggt acagaagggc ggtcctgctg acttggctgg600
gctagaggat gaggatgtca tcattgaagt gaatggggtg aatgtgctag atgaacccta660
tgagaagggt gtggatagaa tccagagcag tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
aaagaaggcc tatgattatt tccaagccta agaaaatccc tattgttccc tgcctggctg780
15 atgccagttg acagccctgc aggttctaaa gaaggaatag tgggtggagt aaaccatgac840
tcgcacatgg caaagaacg ggcggctatt gcagacggct aatttatg 888

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attatttcca cttttggaca 60
cgacagttag cgcataattta tcactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacga120
45 acatcaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaatttctat gtttgaaaaa180
gggaaggtag ctaagattgt ca 202

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

20 ggcgggtgga ggcggcggt ggcggcagga aggggaagcg ctgaggcggt ggggcccaca 60
gccatggcgg agctgttgca ggaggagctc tcggtcctgg ccgcgatttt ctgcaggccc 120
cacgagtggg aggtgctgag ccgctcagag acagatggga ccgtgttcag aattcacaca 180
aaagctgaag gatttatgga tgcggatata cctctggaat tgggtgtcca ttgcccagtc 240
aattatcctt catgtctacc tggatctctg attaactctg aacagttgac cagggccccag 300
tgtgtgactg tgaagagaaa gttacttgag caagcagaga gccttttgtc ggagcctatg 360
25 gttcatgagc tggttctctg gattcagcag aatctcaggc atatcctcag ccaaccagaa 420
actggcagtg gcagtgaaaa gtgtactttt tcaacaagca cgaccatgga tgatggattg 480
tggataactc ttttgcattt agatcacatg agagcaaaga ctaaataatgt caaaattgtg 540
gagaagtggg cttcagattt aaggctgaca ggaagactga tgttcatggg taaaataata 600
cttgatttta ctacaggag acagaaacaa cctcaagggtg tacttgattc ttcagaaaac 660
30 ctccaaaagta gatgtggact caagtggaaa gaaatgcaaa gagaaaatga ttagtgtact 720
gtttgaaaca aaagtacaga cagaacacaa aagggtttctg gcatttgaag tcaaagagta 780
ttcagcgttg gatgaattac aaaaggaatt tgaaactgca ggacttaaga agcttttctc 840
cgaatttgta cttgctctgg taaaatgaaa tgggaagacag gaatctttta gtaaaatagc 900
agtgtttttt gttgtttttg cattggattt ggggagtggg taattgaaat agtcaatttt 960
35 aaagtttctc tgaagcaaaa tgataggcat cattctaact tcaggaacaa aagccagttc1020
tgttttatga aatattaaac atgaagaaaa cttgtatatt ctaatgtttg ccaggaaagg1080
ctaggttcag tagatgagac attatttaaa agataaattt aaaaagatgg taaatgaaca1140
cttgttttta tagacaatat ttgtttgaaa ctatgtaatt ttctggctaa ttttcttgta1200
40 attaaatgat tttttaaaaa aagaa 1225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

10

```
gagggcggggc ctgtttccgg ggaggcgcggt ggggcttgag gccgagaacg gcccttgctg 60
ccaccaacat ggagactttg tacctgtgtcc cgttcttagt gctcgaatgt cccaacctga 120
agctgaagaa gccgccctgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctgggtg 180
tggtgtctta cttcctcatc accggaggaa taatttatga tgttatgtt gaacctccaa 240
15 gtgtcggttc tatgactgat gaacatgggc atcagaggcc agtagctttc ttggcctaca 300
gagtaaatgg acaatatatt atggaaggac ttgcatccag cttcctatctt acaatgggag 360
gttttaggtt cataatcctg gaccgatcga atgcacaaa tatcccaaaa ctcaatagat 420
tccttcttct gttcattgga ttctgtctgtg tcctattgag ttttttcatg gctagagtat 480
tcatgagaat gaaactgccg ggctatctga tgggttagag tgcctttgag aagaaatcag 540
20 tggatactgg atttgcctc gtcaatgaag ttttaaaggc tgtaccaatc ctctaatatg 600
aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctagtgaaaa aacagggaagc 660
gtattgaagc ttggactaga atttcttctt ggtattaaag agacaagtct atcacagaat 720
tttttttctt gctggcctat tgctatacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780
tttcattaaa atatattcca tatctacaac tataatatca aataaagtga ttatttttta 840
25 caacctctt aacatttttt ggagatgaca tttctgattt tcagaaatta acataaaaatc 900
cagaagcaag attccgtaag ctgagaactc tggacagttg atcagcttta cctatggtgc 960
tttgccctta actagagtgt gtgatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt 1020
cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaatac tttttctaata taaaaaaaaa 1080
aaaaaaaaaaa aaa 1093
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 309 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

5 cacaaagtga ttgtggtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaat 60
 tctctagggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgaga120
 aatcgactcc aggtctttcc tgaactggaa accaatgcag tgttgatggt agatgatgac180
 acactcatca gcaccccaga ccttggtttt gctttctcag tttggcagca atttcctgat240
 caaattgtag ggatttggtt cctagaaagc acgtctttta ctttcattca aggtatctac300
 agttattgg 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 380 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

35 ctcatctgat cccttttatg gccaaatcat ccttcagagt agggaaacact cagacattct 60
 gtgcattgtt ttcccccaaa gcatggatc cacaagtcc tgagttcttg tgtgtgctcc120
 cgcctcctgg gtatacagag agaaggcagg aatcaggagt tccagaagca tatacatgtg180
 gctaccccag caacaagcgg catcctgtgc tcagataagc tgcattggtt ggaagtgttt240
 ttctcgcac gttgaggctt agtgagatg ggcaccactg ccatttgctc agaagaaggc300
 tgggtctggt ctaactgcat cccacactgc ccagatcatt ctagataggt tattttctga360
 atgtttatag atttcttata 380

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1253 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

10

```
gcggcccgac tccagttagg agccttgatg ccggagggga cagtgggtcg ccgagagcgc 60
ccggagggaa ccgcctggcc ttccgggacc accaattttg tctggaacca ccctcccggc 120
gtatcctact ccctgtgccg cgaggccatc gcttcactgg aggggtcgat ttgtgtgtag 180
tttggtgaca agatttgcat tcacctggcc caaacccttt ttgtctcttt gggtgaccgg 240
15 aaaactccac ctcaagtttt cttttgtggg gctgcccccc aagtgtcggt tgttttactg 300
tagggtctcc ccgcccggcg cccccagtgt tttctgaggg cgaaatggc caattcgggc 360
ctgcagttgc tgggcttctc catggccctg ctgggtctgg tgggtctggt ggctgcacc 420
gccatcccgc agtggcagat gagctcctat gcgggtgaca acatcatcac ggcccaggcc 480
atgtacaagg ggctgtggat ggactgcgtc acgcagagca cggggatgat gagctgcaaa 540
20 atgtacgact cgggtgctgc cctgtccgcg gccttgacag ccactcgagc cctaattggtg 600
gtctccctgg tgcctgggctt cctggccatg tttgtggcca cgatgggcat gaagtgcacg 660
cgctgtgggg gagacgacaa agtgaagaag gcccgatatg ccatgggttg aggcataatt 720
ttcatcgtgg caggtcttgc cgccttggtg gcttgcctct ggtatggcca tcagattgtc 780
acagactttt ataacccttt gatccctacc aacattaagt atgagtttgg ccctgccatc 840
25 tttattggct gggcagggtc tgcctagtc atcctgggag gtgcactgct ctctgttcc 900
tgtcctggga atgagagcaa ggctgggtac cgtgcacccc gctcttacct taagtccaac 960
tcttccaagg agtatgtgtg acctgggacg tccttgcccc agcctgacag gctatgggag 1020
tgtctagatg cctgaaaggg cctggggctg agctcagcct gtgggcaggg tgccggacaal 1080
aggcctcctg gtcactctgt cctgcactc catgtatagt cctcttgggt tgggggtggg 1140
30 ggggtgccgt tgggtggaga gacaaaaaga gggagagtgt gctttttgta cagtaataaa 1200
aaataagtat tgggaaacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1253
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 439 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

5   ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgttttg tgctctgact 60
    gtttgtagt atcactctca agaataaga gaaacctcaa ctttctgtt tccggccaac120
    tttattgaat ttgttttttt aaatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
    aatttagatc tgttctctga gtaagacttg gcgagtatgt gaaacttgac tcaagttaca240
    tttctttttt tctgtccccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
    atgaacattc cagtgcctgg gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaacaaaa360
    caagaagacc tcatgagaga ggtgggaagg actttaactc ctgtttttct ggtggtttcc420
10  ctttggttgt accttttaa                                439

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1252 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

35  tggacctgcc cgacgccctg ctgcccgact tgcccgcgct ggtgggcccc aagcagctga 60
    tcgtgctggg aaacaaaagt gacctcctgc cccaggatgc tccctggctac cggcagaggc 120
    tgccgggagcg actgtgggag gactgtgccc gcgcggggct cctgctggcc cctggcacca 180
    agggccacag cgccccgtca aggacgagcc acaggacggg gagaatccga atccgccgaa 240
40  ctggtcccgc acagtgggtc gggacgtgcg gctgatcagc gccaagaccg gctatggagt 300
    ggaagagttg atctctgccc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggagc tctacttagt 360
    gggcgccacc aacgccggca aatccactct cttaaacacg ctccctggagt ccgattactg 420
    cactgcceaag ggctccgagg ccatcgacag agccaccatc tccccttggc caggactact 480
    attaaacctt ctgaagtttc ctatttgcaa cccaactcct tacagaatgt ttaaaaggca 540
45  tcaaagactt aaaaaagatt caactcaagc tgaagaagat cttagtgagc aagaacaaaa 600
    tcagcttaat gtctcaaaa agcatgggta tgcgtagga agagttggaa ggacattctt 660
    gtattcagaa gaacagaagg ataacattcc ctttgagttt gatgctgatt cacttgcttt 720
    tgacatggaa aatgaccttg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780
    tgcacaagat gtgaaagatg cccactgggt ttatgacacc cctggaatta caaaagaaaa 840
50  ttgtatttta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaatatt gttttgcca cacagtccat 900
    tgttccaaga acttttgtgc ttaaaccagg aatggttctg tttttgggtg ctataggccg 960
    catagatttc ctgcagggaa atcagtcagc ttggtttaca gtcgtggctt ccaacatcct1020
    cctgtgcat atcacctcct tggacagggc agacgctctg tatcagaagc atgcagggtca1080
    tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctcttg1140
55  ttgctgaaga cattaatggg taaaagaaag gactgggggc aacctggaag cagtgggccc1200
    acatcaaagt ttcctctgca ggtaatttta tgccaagcac tttttaaaaa gt 1252

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 695 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

tggttcattgc ctccctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcggggagtg aaggcctcgt 60
tgagagaagg tctcattcgg tgttttggga agagagtcgt gtgggcccag gtatcgtagc120
ggcgacacga gagagacggg cgggtgtgaca gccttccact acctgcacga gtgtattggt180
30 ctgtctgcta tcagctatgc cgctgcccgt tgcgctgcag acccgcttgg ccaagagagg240
catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgccgagg actatgacga300
tgatcctgtg gactacgagg ccaccagggt ggagggccta ccaccaagct ggtacaaggt360
gttcgaccct tectgcgggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg420
gctctcccca catgacccca actccgtggt taccaaatcg gccagaagc tcagaagcag480
35 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca ggggccatga540
caagtcggac cgcagccatg agaaactaga cagggggccac gacaagtcag accggggcca600
cgacaagtct gacagggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcggga660
ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga gggcc 695

.40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2514 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

10

```
cggcgcacggc gcggggggcag ctgggaatcc ggaatgctgc ccgatggccc tgggtcctcg 60
ctgtggggca atccgggctt gcagacgagt tttagaaaga gcgttttcgc tacgtaaagc 120
acattcgata aaggatatgg aaaatacttt gcagctggtg agaaatatca tacctcctct 180
gtcttccaca aagcacaaag ggcaagatgg aagaataggc gtagttggag gctgtcagga 240
15 gtacactgga gccccatatt ttgcagcaat ctcagctctc aaagtgtgac agccccaatg 300
ctgttcatga ggtggagaag tggctgcccc ggctgcatgc tcttgcgta ggacctggct 360
tgggtagaga tgatgcgctt ctcagaaatg tccagggcag tttggaagtg tcaaaggcca 420
gggacatccc tgttgtcatc gacgcggtga gttgacttct ctcctcctgg ctccgactcc 480
cggaaggcct gtgcagttag cacggctcct tgttctgtgc aggatggcct gtggtaggtc 540
20 gctcagcagc cgccctcat ccatggctac cggaaggctg tgctcactcc caaccacgtg 600
gagttcagca gactgtatga cgctgtgctc agaggcccta tggacagcga tgacagccat 660
ggatctgtgc taagactcag ccaagccctg ggcaacgtga cgggtgtcca gaaaggagag 720
cgcgacatcc tctccaacgg ccagcagggtg cttgtgtgca gccaggaagg cagcagccgc 780
aggtgtggag ggcaagggga cctcctgtcg ggctccctgg gcgtcctggt acactgggcg 840
25 ctccttgctg gaccacagaa aacaaatggg tccagccctc tctgtgtggc cgcgtttggc 900
gcctgtcttc tcaccaggca gtgcaaccac caagccttcc agaagcacgg tcgctccacc 960
accacctccg acatgatcgc cgaggtgggg gccgccttca gcaagctctt tgaaacctga 1020
gcccgcgcag accagaagta aacaggcacc ttggacgggg gagagcgtgt gtgtgatggg 1080
aaaatccgga cccacgcgtg tgcgaaggc gtacgggtgct tgccagattt tcaacttgag 1140
30 cataaattgg ttgccattga gaatttaaga atctggaata ttgcagcttt tgggttaaact 1200
taatgcattg ttggagatgt tatggcgaca ctaaacaagg tattcttgaa ctttcttagt 1260
ctccttggtg gtaactggga agacagaaat gaagaaaatc acatgagaat gaagaattct 1320
ttagcagctc aacagagttt ctcggcctgc tcccagatcg gcgaagtttc tacttgttac 1380
tctctctgcc ggcgccttcc gttcctcctc tgcttccctt ccctagtctt tctcggcga 1440
35 gggagctggg caggggtccc cgggtgtctc cctgagtcct gactgcactg actgggtcca 1500
tcagagggct gcttcgttct ccagctcctc ttcttttaaa gtggtgacta gcttgggtgt 1560
atctggctgc tgggtgttgg cttattgaca tactccaggg taatcaatga tgactttgtt 1620
tggaaccctt ttggaggca ccatgggaac agaaggaaac atgagtgaag ctgacccttg 1680
agtgtgtggg tggggagctc tgagacgcct cctgtcccac gctctccggt gtccgtgtct 1740
40 acacaggggt ccccatgata cccaccggcc ccagcagggc agaccggacc ggggacgggc 1800
acgggtgaag gctgcagcct ggggtctgac gtggcccta gtgctgtctc aggagaaggc 1860
tctggaggac ttgaggcatg ctgggcctgg tgcaagtatg gcgctaagga gaccgggga 1920
aagacagtat cgtggtcacg tatgcttagg aagcagcaca gccgtgtcct tagggatgtt 1980
cgcgctccagt aaagacactg gtaactgcgg tttcagccaa cactcttcat ggcagtgtcg 2040
45 acctcgggtt agcttctgtt gtctttgtgg atggttttcc tggagcggcc tgacgttgac 2100
gtgttctctg gtcccatgtc ttagcggggc atggtacggt ttcgtgcttg accggtgcac 2160
tagggtgttc tcttatactt tcagtagcat cttccacag caagggccaa accctcctgg 2220
ttcccttcag agtctttttg gcctgatgat gactcttgag tgataaccctg tgatgcagac 2280
atgccccaga tggattctac tttctttaa actagggact ttcaagatta aaaaaagat 2340
50 tgctactact aatttgacgc ctaacttcag aagcttcact gtctacatgt gaacttttcc 2400
agaaaaactg tgccatggac atttttctc tggggaatta acatctaaat tctggttaact 2460
attaaagac agatctggtt aattttaaaa aaaaaaaaa aaaaaataa aaaa 2514
```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

20 cagagatctg ctgtgattat tccttttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60
taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gactgccatc tcacggtaac120
aggcagaaga caaaagtga accgggctga tgcgaatcac tgggaaactg gctttggcac180
ctccagagaa tgaactgttt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240
aggcagtgat cagcccatc cctgcaagggt gaag 274

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 449 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

50 cgggttttagc ggcagctctt cgggattgtt tccattgcc aacctaacgt gctggcctat 60
gaacgggtaca ttcgcgtggt ccatgccaga gtgatcaatt tttcctgggc ctggagggcc120

attacctaca tctggctcta ctcaactggcg tgggcaggag cacctctcct gggatggaac180
aggtagatcc tggacgtaca cggactaggc tgcactgtgg actggaaatc caaggatgcc240
aacgattcct cctttgtgct tttcttattt cttggctgcc tgggtgtgcc cctgggtgtc300
atagcccatt gctatggcca tattctatat ttccattcga atgcttcgtt ggtgtggaag360
5 atcttcagac aattcaagt atcaagattt taaaatatga aaagaaactg gccaaaatgt420
gcttttaatg atattcacct tcttggtcg 449

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact ttcatatta 60
agtcctgtct tagccaaggg agaagaatgt aaggataaga ccaccaatat cacaggggct120
35 gtctgagcct ttacctgtga ttttgtacca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180
aagtcagcta tgcagttcat aaaagtggac ctggttatat gtcatccaac agcatatgg240
ccctgcaagc ctgttttggga agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300
atgtcttttg aagcaatata ttttcccagg gttccaatgg actacg 346

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1329 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

10

```
ccccatca gttcgaattt ctgcagtga agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttctctccca gcatecttga tggcttaatt 120
cacctagcag cccagttcag ctcagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcac 180
gtttgtacag tagaccccg attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
15 atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgcgaca 420
ccattgatat cctgacaaca gtagtacgaa atacaaagcc tcccccttcc cagcttctca 480
tctgccaagc tttccctgct gtggcacagt gtacccttca cacagatgac aatgccatca 540
20 gtgcagaatg gcggagagt cttgcgggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggccgcct tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggcg ggaactcggg gagaatctag accagattct tcgtgccatc 780
ctcagtaaga tgcagcaggc agagacgctc agtgcacatg agtccctgat catgggtgtc 840
25 gctcatctgg tgcacactca gctagaacct ctcttgaggt tcctgtgtag cctcccagga 900
cctactggca aacctgctct agagtttgtg atggctgagt ggacaagccg acagcacctg 960
ttctatggac agtatgaagg caaagtcagc tctgtggcac tctgtaagct gctccagcat 1020
ggcatcaatg cagatgacaa acggctacag gatatccgtg tgaagggaga ggagatctac 1080
agcatggatg agggcatccg caccgctct aagtcagcca aaaaccaga acgtggaca 1140
30 aacattcctt tgettggtcaa gatectaaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg 1200
ggaggcta at gccgctccgc caggccactc ctgcagagt ggagtcaaag gtgcacgaag 1260
gcccttact tcccaggaag acttttagcc tgggcagatc aagttacaaa ttgtcaaatt 1320
atccaggaa 1329
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

5 gcccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttctctccca gcatccttga tggcttaatt120
cacctagcag ccaggttcag ctccagaggc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatt180
gtttgtacag tagaccccca attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc240
atcgccattt tctaaagta cagtaatatg cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt caggggccaa tgcaaatgag gctgattccc360
10 actctgggtc gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggct ttgtgcgaca420
cccattgata tcttgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctcccccttc ccagcttctc480
atctgccaa gcttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc540
atgcagaatg gcggagagt gctgctggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc600
cagtgccatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag660
15 ctcttgagcc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcccgcct ttgtttccac720
cctcatctcc aaggcagggc gggaactcgg ggagaatcta gaccagattt cttcgtgcca780
tccttcagtt aagatggcag gaggt 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

accagggtcaa gctcacccca aactattacc ttcgatgcat gtgttgatcat accctgtgga 60
gatctccaaa gtcaaaaagca actgtcagac tcagagaagt atctgtgcc ctttaagata120
45 aaaggctccc cctatcaaga cccttggtcc ttaacgaatg caggaaaaca ggtctgcat180
agctggaatg aggtggtgtg gacaactgaa tatcaaggct ggacctcgtc aaccggtggt240
tgtatgtcct taaaaccata cattcacttc actaaagaaa gtaccccca taattgccag300
tataaccaat gtaatccagt gcaaatctt attctcattc caacttctac tgaccctaaa360
cctactttaa gttgcggtat atggcatggg agccgaaata gcaggggcac atcttattgg420
50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 2143 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

20

```
cgggccgcct tttttttttt ttttttaagt tgaacagAAC attttatttc tcagcaattc 60
tatgCGtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaagca agagaaaatt 120
cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gagtatgaaa 180
gtactctaag attttatcta agttgccttt tctgggtggg aaagttaaac cttagtgaact 240
25 aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggaggtggc aacgtgaatt gcaaacaggg 300
cctgcttcag tgactgtgtg cctgtagtcc cagctactcg ggagtctgtg tgaggccagg 360
ggtgccagcg caccagctag atgctctgtg acttctaggc cccattttcc cctctgaaaa 420
taagagggtt ggatcaaacg atctctgggg ccttagcatc tcaaatcctg tggatcctcc 480
tacttaccct tttagagagcc ttactgggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttattt 540
30 gcaagtggta agagcctatt taccataaat aatactaaga accaactcaa gtcaaaccct 600
aatgccattg ttattgtgaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660
attttaaaat cagttttgtg agtcatttac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720
acaaccattg ttttctgtgt tttctaaaca gtcttaattt ctaacactgt atatatcctt 780
cgacatcaat gaactttgtt ttcttttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840
35 caacaaactt gccctctcat gccttgcttc tcaccatgct ctgctccagg tcagccccct 900
tttgccctgt ttgtttgtgc aaaaacctaa tctgcttctt gcttttcttg gtaatatata 960
tttagggaaG atgttgcttt gccacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaatgtt1020
caaattctaa gccacttaat agcgttttgt acattaaaaa tgacaagggt tattatacaal080
gtagcctttt aaaaaattct cacacagAAC agctttgtat ttagacttaa agctgttgct1140
40 actttgctag tgacgtttgt gttAACagtc agtgctctag gccattgatt gattgattgt1200
cagaatcaga agtgactaca caagagcatt agccagactt ttcagtgaga acaggtaacal260
ggctggcacc agcaattggg acagcacgtg gacaggacga cggaaccag agttctctgt1320
ctctccttca cagcagatgg actcttctat aggtggctgt taatttacac aaagttatat1380
tccagaatca ggaagccccg tgtcgccaac acttgaagga gaactatgtt ccagttttgg1440
45 tgttgaactt ctacagaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc1500
aaagtacccc ccaaaagctg tttaaaagac cattccattt tttcctacac aaagtgcatal560
ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagtttt1620
cagtattcag tccctcatga acattttata gtcattcttt cggccctgtt gtgaaatatg1680
tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgcttttca cgctgatcaa gtaaatttat1740
50 ggtgtctctt ttctgatctt caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgccag1800
ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcatTTtca tccatgttgt agtcatcttc1860
tctctcagt ttctgtgtgt ttctccttc cccggcagct tctgtctct cctcctgtcc1920
gtcggggatg acaagctggg ctgcgtcagg gccctccatc tctggatttt cctgggtcac1980
tgacagggca gccTgcacct gtgggggtctg gccagttct cgggctcccc cgaagcctct2040
55 tccacctaca ggtctgtctt caacacctgc tcccgctcg gctcctgagg cagcctgtcc2100
ctctgaggct ccgatcaaca ctgatctcat ggttcccttc cca 2143
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 450 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

25 ttttttttaa gccagctttt cttcagattt ttttggtggg caggtcgtga aagacaggtg 60
aggaagtaga tcttgggctc agcatgcctc taaaagtata atttcttttt ttaaatgtgg120
aaagaaatgc ataactctgt ttctgttctt gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag180
atactgggga tcccacagct ggggccactc agaggctacc aggaacgctt ccagtttgca240
tctggctggt agtgccagga ccagaaacct acagacctct tcacagacct cctgaccgtg300
30 atgtccctga agcctggaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tggggtgttt360
tgtggaacct agtgaaactg tgtaaacaca gtggaactgt gttaattttg agtgggaagtt420
caagttccgt ggaattcatt gggcccgttt 450

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 408 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

5
tgcaactgtg caccagctt gccagatttt tccccattac acccccagtg tggcatatcc 60
ttggtcccca gaggcacacc cttgatctg tggacctcca ggctggaca agaggctgct120
accagaaacc ccaggccct gttactcaa ttcacagcca gtgtggtgt gcctgactcc180
tcgccagccc ctggaaccac atccacctgg ggagggcct tctgaatgga gttctgacac240
10 cgcagagggc aggccatgcc cttatccgca ctgccaggtg ctgtcggccc agcctggctc300
agaggaggaa ctcgaggagc tgtgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagttcca360
accaagagtg tgctccagat gtgttggggc cctaacttgg cacagagt 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

15
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 311 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

40
tacagttttt atcagtgatc acattttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60
acaggagaga aggcattgagt gcatggggta catagggaga tgagggcaag catcaccaag120
gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgcttt acaacctccc tggagagcaa180
tttaaaaata tgaatcaaga tccttttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240
tatgcacaaa aatatgtggg catccattga ctttccaacc tcttctcttt ccagggggaa300
tattccttaa a 311

45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
50 (A) LÄNGE: 487 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15

```
gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggtaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa ccccagtggc cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgg gaagcaatgc atcctacatg240
20 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaacattt tgagtatcac360
tcttgcatat tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc atttttagga420
tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt480
tcctaaa 487
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1902 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

50

```
gaggaaaaag aacaatgaac agcaacgata ttgactgtgc aactcagaca ttcctgcaga 60
aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg gggccttccc agcatttgac 120
tggtcattgc atagaatgaa ttaaatatcc agttacttga atgggtataa cgcatgaaatg 180
```

```

tgtgatttta ttaggggcat ctgccaatte tctcactgtg gttccttctc tgactttgcc 240
tgttcatcat ctaaggaggc tagatccttc gctgacttca ccattcctca aacctgtaag 300
tttctcactt cttccaaatt ggctttggct ctttcttcaa cttttccatt caagagcaat 360
ctttgctaag gagtaagtga atgtgaagag taccaactac aacaattcta cagataatta 420
5 gtggattgtg ttgtttgttg agagtgaagg tttcttggca tctggtgcct gattaaggct 480
tgagtattaa gttctcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagtttgc tgcattttct 540
atgtgctgtt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgagc tatgccaaact tggggtggta 600
acagagtact tcccaccaca gtgttgaaag ggagagcaaa gtcttatgga taaaccctcc 660
tttcttttgg ggacacatgg ctctcacttg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720
10 gtcactaaac atgttatcct taaaccccc gtatgcctga gttgaaaggg ctctctcta 780
ttaggttttc atgggaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggctcaaa 840
tcatctgagg ctgatagata tttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900
ggcataagca acagtttctt gaatgtgcca tctgagaagg gagaccagg ttgtgagttt 960
tcctttgaac acattggtct tttctcaaag ttctgcctt gctagactgt tagctctttg 1020
15 aggacagggg ctatgtctta tcaatcacta ttattttctt gttacctagc atgggacaag 1080
tacacaacac atatttgtgt agtcttctaa aagactcctc tgattgggag accatatcta 1140
taattgggat gtgaatcatt tcttcagtgg aataagagca caacggcaca accttcaagg 1200
acatattatc tactatgaac attttactgt gagactcttt attttgcctt ctacttgcgc 1260
tgaaatgaaa ccaaaacagg ccgttgggtt ccacaagtca atatatgttg gatgaggatt 1320
20 ctgttgcctt atttggaact gtgagactta tctggtatga gaagccagta ataaacctt 1380
gacctgtttt aaccaatgaa gattatgaat atgttaatat gatgtaaatt gctatttaag 1440
tgtaaagcag ttctaagttt tagtatttgg gggattggtt tttattattt ttttctttt 1500
tgaaaaatac tgaggatct tttgataaag ttagtaatgc atgttagatt ttgatttgc 1560
aagcatgttg tttttcaaat atatcaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggaag 1620
25 gcaattatat tattcttctg tagttaagca aacacttggt gagtgcctgc tatgtgcacg 1680
gcatgggccc atatgtgtga ggagcttgct taattatgta ggaagcaata gatctcggta 1740
gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaatat 1800
cagagctgag ttatccccag ttagcttctg ttggggattc cagtttctgg gaacgagagt 1860
tagggccatt ttatttaaaa gaaactcccg gttgagaccg gt 1902
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

55

```

ctcacgcgtc tctacaccgt gttctacgcg ctgctcttgc tgttcatcta cgtgcagctc 60
tggtctggtgc tgcgttaccg ccacaagcgg ctgagctacc agagcgtctt cctctttctc 120

```



```

5  tgcctcttct gggcctcccg gcggaccgtc ctcttctcct tctacttcaa agacttcgtg 180
   gcggccaatt ogctcagccc ctctcgtcttc tggctgctct actgttccc tgtgtgctg 240
   cagtttttca cctcagcgt gatgaacttg tacttcacgc aggtgatttt caaagccaag 300
   tcaaaatatt ctccagaatt actcaaatac cggttgcccc tctacctggc ctccctcttc 360
10 atcagccttg ttttctgtt ggtgaattta acctgtgctg tgctggtaaa gacgggaaat 420
   tgggagagga aggttatcgt ctctgtgcga gtggccatta atgacacgct ctctgtgctg 480
   tgtgccgtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtcctt agccaacatt 540
   tacttgaggt ccaaggggtc ctccgtgtgt caagtgactg ccatcgggtg caccgtgata 600
   ctgctttaca cctctcgggc ctgctacaac ctgttcaccc tgctattttc tcagaacaag 660
15 agcgtccatt cctttgatta tgactggtac aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720
   cagctgggag atgctggata cgtattattt ggagtgggtg tatttgtttg ggaactctta 780
   cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gttagaaatc ctacaaagga ccttaccac 840
   cctggaatgg tccccagcca tggattcagt cccagatct tatttctttg acaaccctcg 900
   aagatatgac agtgatgatg accttgctg gaacattgcc cctcagggac ttcagggaag 960
20 gttttgctcc agattactat gagttgggga caacaaacta acagcttctt ggcagaagca 1020
   gggacttttg aaagcctcaa agtttga 1048

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 804 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

45  gccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
   gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttctcccca gcatccttga tggcttaatt 120
   cacctagcag cccagttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatt 180
   gtttgtacag tagaccccca attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
   atcgccattt tctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
   ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
   actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
   gccattgata tctgacaaac agtagtacga aatacaaaagc ctccccttcc ccagcttctc 480
50  atctgccaaag ctttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540
   atgcagaatg gcggagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
   cagtggcatg atgagcaggc ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
   ctcttgacc cccgcacctc agagtccact gcggcctttg tgggcgcctt tgtttccacc 720
   ctcatctcca aggcaggggc ggaactcggg gagaatctag accagatttc ttcgtgccat 780
55  ccttcagtta agatggcagg aggt 804

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 581 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
25 tctttgatca gatttagtgt cttaggtaat taaatcagaa agtctattta gctattctag 60
aagtgtatgt gtaggtattg ggtggttggg gttctttgag cgaacttgto agaaactcca120
ttcttaacat cagaatcagg gcaggattga aaacattgtg gctggatctt gaaattgcta180
taacatctat tgcagaaaat gataggtcag atggatagca ataataatta tatatcagat240
cttagtaaca aaattaccaa gctttatcta gtggatatat gtaaaagaat atttttaaat300
30 gtccagcatt gatgtatttt ctttaagaat tattacagta tataagcatt ctttggaat360
acagtataaa aacataaaatt ttttcgtatt ttttaattttt tttatttttt tggccaagga420
tgaatcctcc cctgtaaaat attgattttc gcctaaattt cgggggttcc ctggcacata480
atagcactgg ccccaacttc ggagatggcg gatgcgggta aaaagccaaa aggatggatg540
gggatccgga aatacgtggt ggaatggaag cgaatccaat a 581
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
tggagatatt agtcagtttc tttagtgata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
ctttgggggtt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtatg tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
10 aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacag agggaggtgt 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggtgtg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
actgctggtt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgctgag 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcacccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
15 gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagccaggt 540
gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtgggtt 660
acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaaaaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tgtgttacta tcccaagcct 780
20 ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttcgt gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat1080
25 tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat1140
tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttccctg tgattcaaaa1200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggac ttactgtatt cttgaatgca1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga1380
30 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccac1440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta1500
aaatgggttc tctggcagac tgcacccctt gagtcaaagt taacagtatt cctttgaatg1560
caataataga ggcttttctg cgtaaggga gaaggaaatga ccaattgaac ttacacattc1620
cccaggcagg tccctttgcc ggcccctaca ggctgggtg gccctcctg tcctcaggga1680
35 tcagactccc agactgggta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccctggc1740
cgctcctctg agaaaaccaa cccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg1800
gcctctcaga acagctccta gaggtgtctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa1860
tatcggtttg ctttttgggt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca1980
40 ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga2040
ag 2042
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 430 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
10 gttaaaaacc tagtattcat tttttttttt cctgtaccaa aacaatcatc ttcctttatt 60
    tttcctggag cgggaagagg agagtggaga agaagggaag aatgcaaagt gtcactttgal120
    acttctcggt caccacacac gtgggagtc actcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180
    ccaggtgaaa gaaagaatga ggtctagtgg gaccagctaa cactgcctgc cttgtgttta240
    cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacagggcc gggggccacga300
15 acctgcatcc tgcaccta gacactattt gccatgcggg gaggcttaac ttgggaaact360
    tcaatttgct tggggtgcag attagctttc caaactattg tgatgctcat gcttgacttc420
    ccaaggactt                                     430
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 592 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```
45 aattaaaata aatagaaaca tacggagatt cttttatggt ggatttatta taccctccac 60
    cattttggtc cctgaaaagg gaaaagatac acggtcgagt agtacaggta tgtgtttccc120
    actacacatt atggctataa tggagttgaa ttgcaaacag taaaattttg ttttgatttg180
    gtttcccctg atccccccag acaggagctt cctctcccac cctacctgcc tgcccttaag240
    ttgtgtccta ttaaaactga cacaaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300
    gctacacacg gtgacaccag aatagctact tgttttttta tgttaccagt gagtaacttg360
    tttatccttg tatgtagaaa ctaatttcac catgatcaca gatctgtgta acatctctag420
50 tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actaggaaaa cttacacctt tttgttccaa480
    ggggtgctct catctattaa aaccgtgggg gcatacttcc agtgttgctt ctgagggcca540
    aattttgtgg gtcgtggggg acaattttgt attaacatac gttattttgt aa 592
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 674 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```
25 aaggccgcgc aagtgcactt gcgtgtcacc gttaccgtag cgactgggct tctggactgt 60
   atatcctagc tgccttgtca acatcttcga gcatcggcag ctccggaggc cggggttaact120
   ggcagcaggt aggaaactat gtgaaagaat ctccctgatgt cataatttcc ggggtgcacc180
   ggaacatttg atcatcattc ctttggcaat tccagccttc tgtggaaagg ccagtagaaa240
   gcattgattt attcacctct acaggaatca gactcagcct cttttggttt tcagtgaagt300
30 atgccttttc aatttggaac ccagccaagg aggtttccag tggaaggagg agattcttca360
   attgagctgg aacctgggct gagctccagt gctgcctgta atgggaagga gatgtcacca420
   accaggcaac tccggagggt ccctggaagt cattgcctga caataactga tgttcccgtc480
   actgtttatg caacaacgag aaagccacct gcacaaagca gcaaggaaat gcatcctaaa540
   tagcaccatt aagtcttttg tcaaggctct actaggtcaa gggtaatgga ccagtatcat600
35 ctggtgatct ggtaaacaaa taaaagtggg ggcaccttta gatgatgaaa aaaaaaaaaa660
   aaaaaaaaaa aaaa                                     674
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 324 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
10 gttcttttca ttccatcact ttaggtgatg ggtaagattt ttgaaagcct tatatTTTTT 60
    gattttgttg tctagtttaa tcctaccttt aatagttgtg tttggtaaaa ttcccacttg120
    aatgtgacac tgataataat tatgctgatt tttagcatct cttataggaa tcaaagttta180
    ttaaagttac atagaggatt gaaaaatgta tatcactcaa tttttatcta aggagggata240
    gggataaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatccttt tttccataac300
15 catttgggat gctttaaggc aatt                                     324
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 709 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```
ggatgcgga ctataacatc cccgtcagag tgtgtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60
atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctcctgg gcttgggctg120
caggtttggg ggtctctaa aacaatctct gagaagaacc cttgggcccc tgggagccaa180
45 gttggacagg atgtcctgaa gactagcttt tgataagaga aattaaccaa gtctttcccc240
tcatctatga tgcaatatat ttcagtgggg gccttcagag cacacctgtt ggacgggtga300
aaccatatct tctccagaag gcaaatactt ttgtatcaga ggaaactcag ttttgagag360
gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaac tctctctaag ggtaaactgg cttctaattt420
ttttaagtac agtatTTTTT tttccccttt agtagtaacg ggtttctata gatcttccta480
50 tacagtctgc ttttaactcag gaccttgaga ttatgagact gacgtgctgc ccactgcact540
gaggggggctt ctaacagtct gctttaagtg gtataattct gggatagatc tgttactggc600
atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctcctttt tatgaaggga agagcaatgg660
tttggaacta catctaaatt aaggctattt taagcagatt gttttgcaa 709
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 562 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

25 gtccagatgg aatgactccc atcctctcct catctcccct ttgacgagcc tcaaactgct 60
cagctcatca aagagccatt gccaaattcc gtatgtggtt ctgggtccca gggagccttg120
gaacctggca ccctggggtg gtttaattcc ggcacgagag cattcctgct tctcaagggga180
cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgat catgtgcatt cctgcttctc240
tggggacaca gtgggcccac atgggcccagc atggaccctg ggctagagca agcacatctc300
30 catctcttcc acctcaggca gtgtggctcc agatgtcagg agggactgac ctcaggacct360
tccaggttcc tctgtgccag gaatgagagg ccaggcccga tctaccacc tcgccttgac420
cctgaagtca gagcaggcca gccaaagcagg aagcacactg tttaattttt tgcattggaaa480
gtaaatgtgt accttgatag ggtaaaaata tggctctttt taagttgctc aaccataa540
tttgagccat tgccttgctt aa 562

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1948 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```
gatacacaag acacacaaaag tagaccttgg gctcccagag aagaaaaaga agaagaaagt 60
gggtcaaagaa ccagagactc gatactcagt tttaaacaat gatgattact ttgctgatgt 120
ttctccttta agagctacat cccctcttaa gagtgtggcc catgggcagg cacctgagat 180
10 gcctctagtg aagaaaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gcgaggagca 240
tgtagaacct gagaccacgc tgccctgctag acggacagag aagtcaccca gcctcaggaa 300
gcagggtgtt ggccacttgg agttcctcag tggggaagaa aaaaataaga agtcacctct 360
agccatgtcc catgcctctg ggggtgaaaac ctcccagac cctagacagg gtgaggagga 420
aaccagagtt ggcaagaagc tcaaaaaaca caagaaggaa aaaaaggggg cccaggaccc 480
15 cacagccttc tcggtccagg acccttggtt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttgg 540
ggacacttgc tcagtgggga agaaggatga ggaacaggca gccttggggc agaaacggaa 600
gcggaagagc cccagagaac acaatgggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660
gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccagggtc atggagagca gccctaggaa 720
aggaagtaaa aagaagccag tcaaagttga ggctccgaa tacatcccca taagtgtatga 780
20 ccctaaggcc tccgcaaaaga aaaagatgaa gtccaaaaag aaggtagagc agccagtcac 840
cgaggagcca gctctgaaaa ggaagaaaaa gaaggagaga gagagtgggg tagcaggaga 900
cccttggaag gaggaacacag acacggactt agaggtgggtg ttggaaaaaa aaggcaacat 960
ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggccttg caagaagaga tcgatcgcg1020
gtcaggcaaa acggaagctt ctgaaaccag gaagtggacg ggaacccagt ttggccagt1080
25 ggatactgct ggttttgaga acgaggacca aaaactgaaa ttctcagac ttatgggtgg1140
cttcaaaaaa cgtgtccctt cgttcagccg ccccgccagc acgattgcaa ggcccaacat1200
ggccctcggc aagaaggcgg ctgacagcct gcagcagaat ctgcagcggg actacgaccg1260
ggccatgagc tggaagtaca gccggggagc cggcctcggc ttctccaccg cccccaacaa1320
gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaagatt aaactctaga1380
30 gttttgtccc cccaaaactg ccacaattgc tttgattatt ccatttatgc tggagattac1440
aaattttttt tgtgaaaaaa tcagatcttg gtgaggacct cgagcagtaa gatataaata1500
actcccataa gcttagcggt ccagtaattg aacactaggc ataatgggtt tattcagttg1560
tgcaaatgaa agccatctga cagttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacga1620
ggacaactat attgatggc ttggatgaac tggggcaggg cagctcatat ttcgggagcc1680
35 aggagaacga gtgagtgtta aaacctcctg ttttctgtgt taaacattcc gtccctgttt1740
gagacatcag tatgtacagt taacttttgt tgagtgttta gcaggtacta gggacatact1800
agtgttttcc ttaatgtatt taacttctcat aattatgaaa tgggtgctat tattagcccc1860
atcttataga tgaggcaact gaggttcagg gataaagtaa taaaattgcc tggggtcacc1920
40 cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1948
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

10 aatttatggg gtctatcttt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60
atgtatctaa cagttttata gtgaaagta tttttaaaaa agtatttgaa tggtcatttc120
tatttttccc cctttgctgt acaagttaat ttttactcat cttttgctgt acaaattaac180
tttcatcaat acaaataaga ggctagtttt aagtcaattt atttgctatg agcccaggaa240
caattaaatt ctataaagta atgtattaaa atagtacact ttaaaaatta ttttccttct300
ttttttctct ttaaatttta agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac360
15 tatatactac tatcagtcaa tggggaaaaa ataagtccat atgttttatg ggtaaaatgc420
tgtaatagat tgggattgtc caatttgctt tgaaaaaaat cacagcagtt tttaggtttc480
cct 483

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 437 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

45 cccgcttgag gcgtaggggg tggegccttc cgctcgccgg cgctcccatg ggcacatta 60
ccattaacca gtacctgcag caggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt120
gtgcagagt ggtgtctttt aaacatcctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct180
ctccagagga gaagtgtcaa caagtcttgg aacccccctt tgatgaaatg tttgcagctc240
atttaaggtg cacttatgca gtggggaatc atgacttcat agaggcatac aagtgccaga300
ccgtgatagt ccaatcattc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc360
tgctgtcatg tatgcagtag cgcttgacct ttcgagtggt tgccaataat gcagttcaac420
50 cagttgggta aggaagg 437

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 359 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

25 cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcagggaag tgacacaggc 60
ctgtgtcatc tcgcttttggc agcaggtggg tggccttcct caggggagga ggtggcctga120
gatgtgtttc aggtcttttga cccatcactc cctacacaca cgacgtgaac accactcctg180
gagcattctc agaatggaga tttgaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240
atcattcccc acacacccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagtcccttg300
tttcagattt gaagggttta tgaatccact tcttcggat gtagctcttt aatgatattt 359

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 501 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```
tggcggtcac atcctgagtc ggcctcttgc cgaggcggag cggacatgca ggctccccgc 60
ggcaccctag tcttcgccct ggtgatcgcg ctcggtcccg tcggccggga accttctagc120
5 caaggatctc agagtgtctt acagacatat gagctgggaa gtgaaaacgt gaaagtcctt180
atttttgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggaagagct tgataaatgg240
atgaacagca tgaatagaaa tgccgacttt gaatgtttac ctaccttgaa ggaagagaag300
gaatcaaate acaaccacaag tgacagttaa tcctaaacct gaatggcgct catgttttcc360
aagagaagca gccctgagg gagtctgctg aggcctgcaa cagaggatga agaggataca420
10 aatttaatta atttcaaatc aacatagaca caagaacctt ttgctgtttc ttccaacgcc480
cactcttcct aatgatggca t 501
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1102 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```
cgggatctcc cgaaggaatt tacggggatt cctcggacca ttatcctcag gcaagaaaca 60
aaaccaaaact tggactctcg tgcagaaaat gtagccatt accacatgta gccttggaga 120
cccaggcaag gacaagtaca cgtgtactca cagagggaga gaaagatgtg taaaaaggat 180
40 atgtataaat attctattta gtcactctga tatgaggagc cagtgttgca tgatgaaaag 240
atggtatgat tctacatatg taccatttgt cttgctgttt ttgtactttc ttttcagggtc 300
atttacaatt ggagatttcc agaaacattc ctttcaccat catttagaaa tggtttgcc 360
taatggagac aatagcagat cctgtagtat ttccagtaga catggccttt taatctaagg 420
gcttaagact gattagtctt agcatttact gtagttggag gatggagatg ctatgatgga 480
45 agcataccga ggggtggcct tagcacagta tcagtaccat ttatttgtct gccgctttta 540
aaaaataccc attggctatg ccacttgaaa acaatttgag aagttttttt gaagtttttc 600
tcactaaaat atggggcaat tgtagcctt acatgttggt tagacttact ttaagtttgc 660
acccttgaaa tgtgtcatat caatttctgg attcataata gcaagattag caaaggataa 720
atgccgaagt cacttcattc tggacacagt tggatcaata ctgattaagt agaaaaatcca 780
50 agctttgtct gagaactttt gtaacgtgga gagtaaaaag tatcggtttt attctttgct 840
gatgtccttt ctgcttgaaa taacagtcac catacagcta aaggagagga gtttctttcc 900
ttctaagtag gcagaaatgg tatcattatg ttgccgtctc ccaatctccc agagctcgct 960
ctctagagaa tcaccttctt tcgcgttttt tttttttttt gagggtagga gtctcactat1020
gttgcccca gactaggcct gggaactgtt ggggggcca ggggattgct cccgtcccgc1080
55 aggcctccc agtagggccg ga 1102
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 306 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

25 gaccaacctt cctgccatt tatacggcat aaaacccctca atctcaccag tatggctacc 60
aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa ctcttggaat ttacaactca120
gaaaaatctt caaatctatc tgtaacaact gatctctccg aaagccttca gagttctaata180
attgaatcca aagaaatcaa tggaattcat gatgaaagca atgcttttga atcaaaagca240
tcttgaatcc attttttttg aaaaacctta aaaagggcga tcacaatttt tttgaacaag300
30 ggtcat 306

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:105

```

5  tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgoc ttttgttttt 60
   ctttgggggt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggaat agcagactcc tccagctaag 120
   agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
   aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacagc aggaggggtg 240
   gaagccttga gaacctcaag aaagggtgtg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
   actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgtccctg ccaccacgc acttgctgag 360
10  gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcacccaag gatttcaggg ccctgcttgg 420
   agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
   gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
   gcagctcact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
   ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aagggtggtt 660
15  acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
   aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttgta tgtgttacta tcccaagcct 780
   ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
   ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
   catgctcatt taggaagctg ggagtttctg gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
20  ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagacaaaa ttagctgtag 1020
   agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat 1080
   tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
   tagtgtttctg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttctctg tgattcaaaa 1200
   ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt 1260
25  agagtagccc agttctcggc ctaccctgtc ggttgggac ttactgtatt cttgaatgca 1320
   ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380
   actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccac 1440
   tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta 1500
   aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt cctttgaatg 1560
30  caataataga ggcttttctg cgtaaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
   cccaggcagg tccctttgcc ggccctaca ggcctgggtg gccctcctg tctcaggga 1680
   tcagactccc agactggtta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccctggc 1740
   cgctccttg agaaaaccaa cccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800
   gcctctcaga acagctccta gagctgtctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa 1860
35  tatcggtttg ctttttgttt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc 1920
   aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980
   ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
   ag

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 320 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

aatcttttta ccatgaaatt tcttcagaa ttttccccct ttgacacaaa ttccatgcat 60
gtttcaacct tcgagactca gccaaatgtc atttctgtaa aatcttcctt gactcttcca120
10 agcagtaatt tgccttctcc tagagtttac ctgccatttt gtgcacattt gagttacagt180
agcatgttat ttacaatttg tgactctcct gggagtctgg gagccatata aagtgggtcaa240
tagtgtttgc tgccttgaga gttgaatgac attttctctc tgttttggta ttactgtaga300
tttcgatcat tcttttggtta 320

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 506 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

gtcgaacagc aaagccaaga cttgttaaaa aggtttgaag aggaaggacc ataacaattg 60
40 aaagggggaa attataagat acagtaaatt cctcttcaaa gatttagcct gttgacttcc120
ttattctttg ttctcaaaact cgacttcctt gttgtccatg cctccttgtc cctagttact180
gtgaacaacc ttcaccaccag ttctaataca taactcacat ctgctccctt ggtaaccac240
tctgcaccca ttcttccac tgaaactgca cttcccacca ctgtaactca catccccctt300
cccttcctta tttggaaaag tattcacaaa tagccaatcg ggtcaactta gaatgagcgg360
45 tccaacccca gccctgagg gagtgacaca gaggtaggga ctgtgttagg gataaaaacc420
ttttcctttc tttgttcagt gtgctgctgt gatcatgatt gatgcaggca gcagcctttt480
tcgagaagta aattgccttg ctgagg 506

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:108

```
20 ggcggggccgg cgcctgcggg ggcagagggg cggggcggaag ggggaagctac gtcccgagg 60
   tgccgtgttg ggcaccgggc ggggcccggg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120
   agaccaaccc cggggcccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
   tccccgcatg ccatgaaatt ggccctcggc ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240
   ccgcccgcgc cgaatcgcgg tcgcgagcca tggaggagga ggcatcgtcc ccggggctgg 300
25 gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat cagcgcgcat ctagaatctt 360
   ccccagggtg gactgagggt accatcatag aaaagcctcc tgctgaacgt catatgattt 420
   ctctctggga acaaaaagaat aactgtgtga tgcctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
   tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
   gaagcatggc aattaacagc atctcaaaac tgactcagct caccagctct tccatgtatt 600
30 cacttcctaa tgcaccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgatg 660
   atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
   atggcagtgg gaaagtttgc ctgtgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
   ctgagatctg gttcctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac acctttactg 840
   cctattaccg cctgctcatc acccacctgg gcctgcccc a gtggcaatat gccttcacca 900
35 gctatggcat tagccacag gccaaagcaat ggttcagcat gtataaacct atcacctaca 960
   acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat ccagcaaaag1020
   tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
   gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtccctccac ttcctccact tctaaatcct1140
   cctctggctc tggggaaacc ccaccggga agttgaggca cccttccttc caatttgct1200
40 aaccagtttc caggagtggg gtgggtttt ccgtggcaca ggttggggcc ttaggggggg1260
   ttggacgttc cttttt 1276
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 373 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

15 aaatacattt atgtttcttg aaatgtgtta agtggccttt gtcaagggtt ttataataga 60
agagtatata aaaatgaatt tctctagaga tgcagcatat tctaaagatc catcattaga120
taattaaaaa tatgtaagtc atgctaacat ttccatataa aaatggagaa cattaactct180
cctactgttt agttataaaa taccaaattt tgtaattatc ctatctggaa ttacactata240
ctgcaaaaat gccagttact tcacttttaa atttgacaat gtatgtgatg aattataaaa300
tttaatagcc tacatctttt cctccttgta tccaaatttc tccggacctt aatgcttaaa360
ccttttggtt acc 373

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 492 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45 gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggtaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtggc cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca ttcttcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttg gaagcaatgc atcctacatg240
50 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaaccattt tgagtatcac360
tcttgcatatc tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttaggaa420
tatttaaagg gctcttgaag attttctggc attagaccca actgaagggtt ctattaaggc480
agggttccta aa 492

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

gcctcagcag actccttggg cggtagcagg gagatgggtgc aacggcccca gcctgcacag 60
gaaccgagca ggcctgggac tgccaacccat agacacggga tatgattccc agccccagga 120
tgtcctgggc atcaggcagc tggaaaggcc cctgcccctc acctccgtgt gttaccccca 180
30 ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gtccctcag tttgaacctc agaggtatcc 240
agcatgtgca cagatgctgc ctcccaatct ttcccacat gctccatgga actatcatta 300
ccattgtcct ggaagtcccg atcaccagggt gccatatggc catgactacc ctcgagcagc 360
ctaccagcaa gtgatccagc cggtctgtgc tgggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420
aggcctgcac cctgtgcaga aggttatcct gaattatccc agcccctggg accaagaaga 480
35 gaggcccgca cagagagact gctcctttcc ggggcttcca aggcaccagg accagccaca 540
tcaccagcca cctaatagag ctggtgtctc tggggagtcc ttggagtgcc ctgcagagct 600
gagaccacag gttcccacgc ctccgtcccc agctgctgtg cctagacccc ctagcaaccc 660
tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttgccagaa gaattgcgga aagtctttat 720
cacttattcg atggacacag ctatggaggt ggtgaaattc gtgaactttt tgttggtaaa 780
40 tggcttccaa actgcaattg acatatttga ggatagaatc cgaggcattg atatcattaa 840
atggatggag cgctacctta gggataagac cgtgatgata atcgtagcaa tcagcccca 900
atacaaacag gacgtggaag gcgctgagtc gcagctggac gaggatgagc atggcttaca 960
tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgagttcata aaacaaggaa gcatgaattt 1020
cagattcate cctgtgctct tcccaaatgc taagaaggag catgtgccca cctggcttcal 1080
45 gaacactcat gtctacagct ggcccaagaa taaaaaaaac atcctgctgc ggctgctgag 1140
agaggaagag tatgtggctc ctccacgggg ccctctgccc acccttcagg tggttccctt 1200
gtgacaccgt tcattcccag atcactgagg ccaggccatg tttggggcct tgttctgaca 1260
gcattctggc tgaggctggg cggtagcact cctggctggg ttttttctgt tcctccccga 1320
gaagccctct ggccccaggg aaacctgttg tgcagagctc ttccccggag acctccacac 1380
50 accctggctt tgaagtggag tctgtgactg ctctgcattc tctgctttta aaaaaacat 1440
tgcagggtgcc agtgtcccat atgttcctcc tgacagtttg atgtgtccat tctgggctct 1500
tcagtgttta gcaagtagat aatgtaaggg atgtggcagc aaatggaaat gactacaaac 1560
actctctat caatcacttc aggctacttt tatgagttag ccagatgctt gtgtatcctc 1620
agaccaaaact gattcatgta caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaa 1678

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 866 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:112

25 gtcgccatga ctgccaaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60
gccagctctg atcaaaggcc tgtggtccct tcatcgaggt ccaggtttgc cttttccgtg120
tctgtgctgg accttgacct caagccctac gagagcattc cccatcagta taaactggac180
ggcaagatcg tcaactatta ttcaaagact gtacgtgcc aagacaacgc cgtgatgtcg240
actcgttca aggaagcga agattgcaca ttagttctcc acaaggctca actctttccc300
tgcagtgtct ttgaaacttg aacataatgt gaaggctgaa tgatagagat attttctgtt360
30 gtgttggtg acctttggtt gtgaatgttt ttgcttttaa ccccttttga ggtgggattg420
cctcttgag acatggaatt gaagagcact agaaacaact tcctggacaa ggaatgtagg480
aagtgaagtgc tgtgtcccag gaagctgctc acactcttaa aatggaagtg tccgttaagc540
cctgggaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta600
atgcgaaaag ccttattcta agaccaagg tttggatctg ctaccaccag actcctaaca660
35 tagaaaactt gaattgtcac atacatttta cagtttgac ttttaagaaa acatggatac720
tactgggaac ttccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgcgaag ccacatatca780
acacagggtt ttaaggtggg tgctggctg cacacgtgaa ccccgtaggc cccagatgc840
cgattctgag ccagtgtaga cccagg 866

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

10

gcgcggccgg cgctcgagg ggcgaggggt cggggcgaag gggaagctac gtcccggagg 60
tgcggtgttg ggcaccgggc ggggcgcggg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120
agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
tcccggcatg ccatgaaatt ggcctcggcg ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240
15 ccgcccgcgc cgaatcgcgg tcgcgagcca tggaggagga ggcacgtctc ccggggctgg 300
gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat cagcgcctc ctagaatctt 360
ccccaggtgt gactgaggtg accatcatag aaaagcctcc tgcgaacgt catatgattt 420
cttcctggga acaaaaagaat aactgtgtga tgcctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
20 gaagcatggc aattaacagc atctcaaac tgactcagct caccagctc tccatgtatt 600
cacttcctaa tgcaccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgtg 660
atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
atggcagtg gaaagtgtgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
ctgagatctg gttcctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac acctttactg 840
25 cctattaccg cctgctcatc accacctgg gcctgcccc gtggcaatat gccttcacca 900
gctatggcat tagccacag gccaaagcaat gggtcagcat gtataaacct atcacctaca 960
acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat ccagcaaag1020
tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
gtggccagaa agggccctca ggaccctcgc gtcctccac ttcctccact tctaaatcct1140
30 cctctggctc tggaaacccc acccggaagt gagcaccct cctccaact cctaccagc1200
tccagagtgg tggtttccat gcacagatgg cctaggggg gacctccagt tttgcgtgtg1260
gaccgtaggc ctctttctag ttgaatgacc aaaattgtaa ggcttttagt cccaccgaca1320
ttagccaggc tcgtagttag gcctccagag caggttgtgc tgtccctgc ctctggaagc1380
aatggggaat gtggaatcaa gacaatgccc aaaaaattt taatgcagct ggtc 1434

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
40 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```
5      ttggcagcgg ggagagggaa agaggaggaa atgggggttg aggaccatgg cttacctttc 60
      ctgcctttga cccatcacac cccatttccct cctctttccc tctccccgct gccaaaaaaa120
      aaaaaaaagg aaacgtttat catgaatcaa cagggtttca gtccttatca aagagagatg180
      tggaaagagc taaagaaacc accctttgtt cccaactcca ctttaccatc attttatgca240
10     acacaaacac tgtccttttg ggtccctttc ttacagatgg acctcttgag aagaattatc300
      gtattccacg tttttagccc tcaggttacc aagataaata tatgtatata taacctttat360
      tattgctata tctttgtgga taatacattc aggtggtgct gggtgattta ttataatctg420
      aacctaggta tatccttttg tcttcacacg tcatgttgag gtgggctccc tggtaggta480
      aaaagccagg tataatgtaa cttcacccca gcctttgtac taagctcttg atagtggata540
15     tactctttta agtttagccc caatataggg taatggaaat ttccctgccct ctgggttccc600
      catttttact attaagaaga ccagtgtata ttaataaatg ccaccaactc tggcttagtt660
      aagtgaagat gtgaactgtg tggcaagaga gcctcacacc tcactagggtg cagagagccc720
      aggccttatg ttaaaatcat gcacttgaaa agcaaacctt aatctgcaaa gacagcagca780
      agcattatac ggtcatcttg aatgatccct ttgaaatttt ttttttggtt ggtttggttt840
20     aaaatcaagc ctgaggctgg gtggaacag gtagcctaca caccccaat tgggggtggt900
      cccgggggaa tggtt                                     914
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

```
25     (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
      (A) LÄNGE: 685 Basenpaare
      (B) TYP: Nukleinsäure
      (C) STRANG: einzel
30     (D) TOPOLOGIE: linear
```

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

```
40     (vi) HERKUNFT:
      (A) ORGANISMUS: MENSCH
      (C) ORGAN:
```

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```
45     (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115
```

```
50     gaaaatccag ggggtgaagaa tagatctgtg gtggcagggg tgggaaaggc ggggaggatt 60
      tgccactga ggggcagcac aagagaattt tgccggggcga tggatctgtc tgtatcttga120
      ccatagtgat gatacatgac tgtgcatttg tcagaactca caggactgaa tgaaaagaga180
      agtgaatttt actgcatgtg aattgttaaa ataaatgcta gacagtattt taaaaatcaa240
      gccagatcc tgcaagacat tatggctccc caccagaagg ggagagacgg ggaaagagaa300
      gtgtccccaa agttaacca cgttccctgg gaccacctc cctcccact gccacttccc360
      accagctca cgcacgggcc aggccttcc ctttcagct cacagcccag cagatgttag420
55     gtcagaatgc gtcccctcac ttgactaaag gtttacagcc agcagggtgg gaaatgaacc480
```

agatattaac accccctoct ccatgccctg cccaccttct gggccagtac cagtgaaggc540
aggaagccac ttctcccacc cccaggtgt tcccaaagcc ctggaagaac ccaaggaaag600
gcaggagcca agttgggagt tgaccttgat gaccaggggc cagttggccc agtttccctt660
gtttagttgg ggggagggaa ccctt 685

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2646 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

30 ttaatttaaat agctttcatg tgattaaaaa tagctaacta gactcaagga ttcacaatat 60
ttaggtgtat tttcaatacc tccagaaagg aaacctcagt taatcagagg aaatagtttc 120
agtcttcatt tgagcatgtc tttccatctc aaaaaaatac tcttagtagg ttggagtga 180
gatagcaagg ttttgaagca tatttgctct aatccacagt gacacttttt atcttccagg 240
agcactccta ggaggttccg tgcctaatac atgttgactg ctttgcatat ctcaagggaa 300
35 taaaatgaca aaagcaggga aagttacaga ttcaaacagc attttaactc atgttgatct 360
ggataattaa tcttttctaa agatgtgtag tttcttgaa aacagtgata tcacatgatt 420
aaaattacat ttttatcaac ataattgtct ggaaaagata agccctcaa ttttctacca 480
gttgactttt attcattaga tacagaaggt gcagtattac acatcaccag ctgcctttgt 540
gaatggctca ctacacagcc attgggtgac aactgtgtgc atgggcagaa acagcaagt 600
40 cctcattgt ggtcattggg tggggagtgc cttttgtcaa ggagtctgca ggaattggct 660
tatttctgta tgccaaagt atcaacacac caaagtctct gccataaaga atgtggcttc 720
cttgcatcct ccctcctgtt actctgggcc cagtaatttg atgtaactgt ctgattgtac 780
tagagacagg agtataacca gcttattcat aatcaagtaa agagactcag attagatttg 840
atttttttagc ctctctaga gccaatcagg cagttaagag taataaagga aaagggtttg 900
45 gtcacaaacc ctaccattat ctggagatta ctctctgtc cactcctgtc ttgccatgca 960
cgtcttggcc cctcactttt gctcagccta ccggtctact tcaactttatt gccttgtaag1020
tgtcaggcct cctgggcgct ctggaaaaga caggagacca ggccctctca cccctactgg1080
taacagggtca ttgctgggtg cacaagaggg aggtgatttg catcatggtc atgctgcatg1140
ggcttcactg ggatgctgtt aaacaccaga ggagccaacc tatcagaatc ccagcagca1200
50 aggaaaactc agattttaga ggctttttac aataaagtag cgtaactcta ggtcatgatt1260
gatttcaaatt gcctgccatg aatgatttgt aagtaattat gtaggatcca tcaaagcagt1320
attgtaggct tttgaattgt cccagtggat ccgggacccc atttcaactgt ctctcttgat1380
cgtgttaattg atgcaatcag agttcaagac agggcccatg aagtctgact gcactgggat1440
ggagaaatga atttcttccc actgaaggaa actctttctc attcgcagcc aagacgggag1500
55 tgccactgtt cctctcttca ctctgagat actgcttctg gaagcgggtg tcaactcctc1560
tctagtacct cttctcttct ctgaagtgtg tgactatctc ctagtgttta aatttggcag1620
ttactcgcca tgtatgtcag catagaaaaa gaaatgtttt taccttatct cctgtatgtal680

```

5  tgatagaact taaaagaaat gtgcatttgt tttcatagcc ccagcagaga aaatcctctt1740
   catagattaa atgtgctgct gtggacagga gggaaaaaaa aaccctctac atattgaaag1800
   gcaccaaagt taatatctga cactgttaag atgccccaaa gagcaaagt gtagtggaga1860
   tgcagggtca tttcccatg ccactccacag tgtttgttag tgagtccaag gctgacttgc1920
10 agtgataaag aaaagcatgg agctgtgtct gcagacaatg gtggctgcat ctgtaagtgg1980
   cttcagaggc agcagccctg gggaaattga tgggtgtggc agtggacctg tgaagagga2040
   gaacttagcc ttcagcctgt ccagtgttaa ccactagaga aactgagctt tatatccttt2100
   tttaatgcct gtgaatttta gcatattgaa acattagagc aaatactcag gggatttttc2160
   attaaacatc cctcagataa tttagctata tatcattaga aagggaagc tatcattttt2220
15 attttaaaac taaacaaggc catcttataa actgtcacca aagtcttccc tttttatttg2280
   catgtgtgcc ttgaatttca taaaacatta attcacaatg ggggtcagaa tgtactcttg2340
   ttgaaacact tcttgtacca ttttatgttc atattatgtt tgagagggtg aaaatgtatg2400
   agcagcttaa ctgaagtaga actattcatg atgcttttca cacattgttg cataagatgt2460
   aaagtgtgta attaatgtta attctgtgac attttaatat tcttttataa ttattaatgt2520
20 taatttctgt gcattttaat attcttttat aattatgagc attttaataa attcattttt2580
   acaacaata aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggaagggaag aggaagaagg aggggggaag2640
   aggaag 2646

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 2667 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45 ttatcttggg agtctgtgta tcaaaatgaa gaattcagat ggtaggaggt tctatagtcc 60
   ttttaaagct gactcttgag tgtcagttga atatccatta aattggattt ggaaataacc 120
   tgaggaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatag gtggcaggcc 180
   tgtgggtttg ggttctccct ctttctctg gaacatatga caattccaga ttaaagaaaa 240
   atgtttttta ataaataccc ttggtctttc ttctagtcac ctttgaggta gatattgtga 300
   ttttctggag tatagtatat ccgtgtctct gtgtcttagg tttactagat gcaataatac 360
50 ttctctttga catttgtact gaagtgattt gatattaagt aaaacagtta atgtttgaat 420
   ataggcatat ttataggttt tttccgctcc cccccaaccc acccttttta aaaaatctat 480
   acaaagccct tgtttgagtc tcatcatgca catcaaatca tggagttagg tcttctctga 540
   gctcagggga acacaagtgc acagagagag atgtcttgag ggtcactacc aaagaattac 600
   cctcattgtc cctcactcag gccatgtgta catgcgatgc tgctgagtgt gctggggtgg 660
55 gtggtggcca cgtggctccc ccagagcact tcctaactgg caagctggga gaccattac 720
   tgggtgaact tgtggaaatt agaactgtat cttttacata atcttggcat attacatttc 780
   ataataaaaa catacattta gttgcatgct acatcactat tgattttata attaatttct 840

```

```

taagcttcaa ccatgtttta taccttattt cgttacatca tatatttgta atgtgtaata 900
tgaaatcttt tgctttaatg tcttttttta aaatgtagaa tgttctaaac ttgaaaggca 960
attgaatgta gtatgatgaa aatgtgaatg ttttgctgct ttcattgacca aagatacagg1020
gctagtggac atttagaata ataattaaag cttagagtctt gtatgtcttt tctttgaagg1080
5 agttctaacc ttgtaaattg agaattgactt cagagaattt tgattaagaa aacattaaaa1140
tcttaaccgg cacaacacact ocaatttttt tcaactgtgaa gccgcaagca attttttttcl1200
tttttctttc aaaagcctgc cttctgaatt tatttcttgt ttactcattt cagagagggt1260
agtaaagaag atctattttct ggtagtcata tcgcttgaaa ggtattggta aatgtgtttt1320
cagtcgtgac catgtggaaa gtgaacagtg ttggcaaaaca ttaccgagaa aatcatgctt1380
10 ttcaagatgc ccttgctttg ggatatcctt cctagggaga aaaaaaaaaa gtagtttaac1440
aattgtgaat tccatttctt atttcagttt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat1500
aattcccagc atttatgttc tgttgatttc tccccttagc ccagtaacat ttttatctaa1560
taccocattc cccaagtttt gagacagatt gacccctac tcattatgtg gctctagttg1620
aattttaaaa tgtggaatat tgggcttgca ggcagtagga gctgcaaate tggtagagtg1680
15 ggagtgtgga gttaatggtg agtatgttaa taaagggaaa ctgtctctga cagaatctca1740
gtaatgttta ccaaaacatg tctttctaca gctggttaga taaatgatgc taccctgtag1800
ctcagctaca ggctgcagtg caaacttttc ttccatccag agaaagcaga attccctcct1860
agtaacctca ttacaaatac tgttactaga agggcatgtg ctgtctgtca ccttcagtaa1920
tatttgtgcc atctcttgat gactgatgac ctggatcgag tatttctatg aagggtcttc1980
20 ttaggccctt tacatacgca agaggggtgc tctagtgcc a tagctgtagt tcacaggaag2040
gacaccagga gaagtatac ctagggtac tgagcagctc atcatccctg tttctgcaca2100
gtttcctgaa actggccatc agggcctctg aggcactcaa atcagtttac ttttagcatg2160
cccccatcag ggtgggtctc actgttagtg aggatacggg tctggtttga tgttttcta2220
ggcaaaatgc ttaagtgttc tggttatgcc attcattcat acgatgtgtg aaatttgctt2280
25 aaaaagggaat tttcatgatt tgatttagat tagtatttaa atatctgctt tagatagcaa2340
ttaattttat tgtaaaaaata aggaaaaata tgtgaatatg tgaatttttt aagcctgaga2400
gatgatagaa tgttcccata tttttcttgt aaagaaaata atattttaac ttacacatcc2460
tgtagaaaaat accacctttt ccccttgat tacagtacaa tgtttacatt actatactgt2520
caagctgaaa gtataaaaaa tgtacatata cattttgagt tatgtatcct ttttttaaaa2580
30 aaagggtgcg ggctgtggca ctgggctgga catgactaaa gttgacagag gctatgctag2640
atttataatc actagttctg ggacttg
2667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 544 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

catctgtgca tggatgagtg gccgactttg gagcccaggc tgttacttcc tggctctggtg 60
gtgaatcctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctgg120
cacacagtat gcactgagga aatacttggt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact180
5 taaccttggga attaatatg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg240
tgattagacc cccaagacac tgggctgtct gcttgtgtct cgggtggaac agggccagcg300
agagtcttta gggccagaac tcaaggaaat tattgagcca tggcaaacag gcagtaaaca360
gcccattctg gctgctgtat tgagaagaga atgtggtgga cagatataga agcatggaaa420
cctgataggg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgga cctgttgaag480
10 cagtagagtg ctttccaggg aggagaaagg acctgaaggt taatttgatc accatgggcc540
atga 544

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

gtttgatact ttctctgcact taggtttgtc ctattcttca tttattcaga ctaggataga 60
aaatttttggga atcagaaaaat agatccagtg ttttagctaca tacaatctag tacaagtga 120
tttttattct taaacatagg tgtgttggt ctttttttaa aagatgcgct ctacctgaaa 180
40 aggaaattgg attttagaac tggatgtggt gcagtgaagt attttaggcc caggctctgtg 240
tacacatttt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tgggtgcctt ttcatttcaa 300
ctgtgttttg aatttgtcag atcacacata tattgtgtta ttgggcgctg tggatatctt 360
tataaaacct cttgcttgtg tgcaaaagtt cctaaaagga aacacaagta atgcctatcc 420
attactagca tgctatgctg catgctttac tgccattgct gtatgcttta ctgtctttgt 480
45 aaaaatcccc ctctcccctt ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttatat 540
tttcacccca taagtgcaga atcagtaatt ccttggttta aagctcttat ataataata 600
ttattggtgg taaataccaa gtttggatc tcatagctat ctttttttaa agaaattaag 660
ttcttgaaaa ttttagccaaa tcccgtttta tgggaatgct ctttagaatt cattttgttc 720
agcccccttg ttctatggtt gagaaatctg aggccttacg aaggtaaga gaactttccc 780
50 cgtgtctcac aggtaggtag aggcagagct ggaactagat atctggtctg ttgactctag 840
ctcagtgctc tctggttaact gttgaaaatt gtcttagttt gagagatggc tgaataatg 900
aacataaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat ttcttattgt aagactacta 960
ccggcttact gttgaatagt ttggttatag tgtttaggct agaaatgcct cccacattgg1020
taataaacat tacaaaatac aatgtatttt taggtaggca ttttataaaa tgcattatgc1080
55 catggttgct tttgagatag attgtagtct gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggctt1140
aactgttggt catatcagga gatgctctga ttgtataggt gagactctgt ttctgttatt1200
tttaattgct gtatgaaatg tgatcagatt attttactac caacagtat agtttgaaag1260

tccaactgta ttaattgact gataatatga taatatagag attaaattgt ttgtcttcat1320
tccttaaaaa aaaaaaaaaa 1340

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 2376 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

30 ggatatgaat aaattgttaa tataaagtcc tacagaaatt aatttatgaa atttctctaa 60
atcacacaaa acttaataac agatgactac taccctgaga ctgaaaaata tggtcttaatt 120
tatagtgcata tttttgggca gttttggtgt cagaatacct atcaacacat tcttttttta 180
ttaggaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaagtg ataaaatcca ttagttttta 240
agtcttctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcgtt tttacggga 300
taataatgct atgtctacat aaaatgattt ctaccacctt aaatagctca ctgtagaaat 360
35 tcatgtataa atggaaccat atagtacata catatcatat tcttaggtct ggcaaatatt 420
tgaggttcat ccataatttta tattcactca tcagtagttg taaacacatt cttaaagtag 480
cattttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggtaaggga aatggttgag 540
gctttcctaa gtgaagtgtg aaaaccacag ctttcttttt aatgggatgt ctaatatgca 600
tttatctgtt caagcatttt aagatttcca tgaaaatgtc ctgaaaaatc aagattcttc 660
40 attgagggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttgaat 720
tagataacct actataatca tggatgttct tgaatactta gcaaacatac cagcatccca 780
aagtcaccaa gataaacctt cctactccaa catcacatga tcttcttaatt ctacctgtaa 840
aaataagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cacctagaaa 900
aaaaaatagt tcattatgta gagaaatgct ttttttagta catagagaaa taaaaaatat 960
45 agatactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaacca1020
tacaatattg aatgccgggc gcagggagta ttttcaacat ctaaaaatcc taggagctta1080
agggactaga atgaaaaaaa agaaccctaga ttgagtaaga aagtatttca ttttggggtg1140
ctttggcaaa aatgacaata caccatttct tttctttagt ttgagggttt aaactagagt1200
atgtgccacg tgacaacctt aatcagcttg cgttgtcttt gtccaccttt ggtatgcagt1260
50 ctgaatcttt aaatccgaaa accttacaac ttggaccgga aaacccttaa gcagtagggt1320
aacttgagac tgtatcttaa tttgctaata aactgacttg gaaataggat aattcatttt1380
atgagctctt taaatgagtt tatttgggaa tatgcctatc attggaattg aaagcagcat1440
agcttgcttc agtaactcca ataatttggg aagcagaaat ggaaaaagta atttgagtca1500
tgtttgctta tgtagtgcg tttaaaattc ccctagtaat tacctttcat attttattaa1560
55 ctaggttaac atcaactgtg gttgtaagag taaatgtttc accttaagat aaacatgggc1620
aatatattaa actctagtct gttttcttgc ctgtgaagtg aggctgcact tgattatatt1680
tgattctttg ttcgtaatac atgggaacga cagctaagtg tggtgaaaaa cgcgggagtc1740

caaagagctg gatttttate tcagatctgc cgctaacttt tgtatcctat aggctacttt1800
tattttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttggtg taaatgactg aagttccttc1860
aagtgcataa attctttttc tacagtcttc attggattta tgtatttctt attcctaata1920
5 tgtttaactg ggatgtctgt cactctaggg cggcaagaca gacatttaaa agtaacagtc1980
acactgctga actggcattt ctgttaaac aaaaagtttag aaaactcacg gtaactgtta2040
cttgatttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgctt ttaaaaggaa ccactgtcca2100
tttaaagggt tcatagttat cttcaatggg ttagtattgt ttggggcagg acattaaact2160
agaagggatt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag2220
attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat2280
10 gaagatatcc ccattgtatt ccggcccat gtttgccctt tttggctcca gcacgtgtt2340
tgaagaggc caatgtgcc tgggtcccta ataaag 2376

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 225 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

cagttgtgaa gttttgtaa atgggtcacc aacttaaaac taggaaatta cgaagaagag 60
40 aaaattgcc ggtatctgtt aaggctcgtc tgtagatctg ctgtagggct tgccaccatt120
ggaagcaagg tcctacttca gtggcagatc ttgtggcctt tgagtggctg aagaccacca180
ccctgcacag ggctggggcc atgcacaggc atccttcctt acctt 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1967 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```
acggggcggcg cccgcgcctcg caggccactc tctgctgtcg cccgtcccgc gcgctcctcc 60
15 gacccgcctcc gctccgcctcc gctcggcccc gcgcgcgccg tcaacatgat ccgctgcggc 120
ctggcctgcg agcgcctgcc ctggatcctg cccctgctcc tactcagcgc catcgccctc 180
gacatcatcg cgctggcccg ccgcggctgg ttgcagtcta gcgaccacgg ccagacgtcc 240
tcgctgtggt ggaaatgctc ccaagaggcg ggcggcagcg ggtcctacga ggagggtgt 300
cagagcctca tggagtacgc gtggggtaga gcagcggctg ccatgctctt ctgtggcttc 360
20 atcatcctgg tgatctgttt catcctctcc ttcttcgccc tctgtggacc ccagatgctt 420
gtcttctctga gagtgattgg aggtctcctt gccttggtcg ctgtgttcca gatcatctcc 480
ctggtaattt acccgcgtgaa gtacaccag accttcaccc ttcatgccaa ccgtgctgtc 540
acttacatct ataactgggc ctacggcttt ggggtggcag ccacgattat cctgatcggc 600
tgtgccttct tcttctgctg cctccccaac tacgaagatg acctctggg caatgccaa 660
25 cccagggtact tctacacatc tgcctaactt gggaatgaat gtgggagaaa atcgctgctg 720
ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg actttgaacc cattttttgg 780
cagtgttcat attattaaac tagtcaaaaa tgctaaaaata atttgggaga aaatatTTTT 840
taagttagtg tatagtttca tgtttatctt ttattatggt ttgtgaagtt gtgtcttttc 900
actaattacc tatactatgc caatatttcc ttatatctat ccataacatt tatactacat 960
30 ttgtaagaga atatgcacgt gaaacttaac actttataag gtaaaaatga ggtttccaag1020
atttaataat ctgatcaagt tcttggttatt tccaaataga atggactcgg tctgttaagg1080
gctaaggaga agaggaagat aagggttaaaa gttgttaatg accaaacatt ctaaaagaaa1140
tgcaaaaaaa aagtttattt tcaagccttc gaactattta aggaaagcaa aatcatttcc1200
taaatgcata tcatttgtga gaatttctca ttaatatcct gaatcattca ttttagctaa1260
35 ggcttcattg tgactcgata tgtcatctag gaaagtacta tttcatggtc caaacctgtt1320
gccatagttg gtaaggcttt cctttaagtg tgaaatatTT agatgaaatt ttctctttta1380
aagtctctta tagggttagg gtgtgggaaa atgctatatt aataaatctg tagtgttttg1440
tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaattttatc1500
atgactgata gatctgggta agttgtgtag taaagcatta ggagggtcat tcttgtcaca1560
40 aaagtgccac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg cttttctaaa tctcagggtt1620
atctgggctc tatcatatag acaggcttct gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac1680
atatagttaa aatcctggtc tttcttggtg aacagatttt aaatgtctga tataaaacat1740
gccacaggag aattcgggga tttgagtttc tctgaatagc atatatatga tgcacgggat1800
aggtcattat gatTTTTTtac catttcgact tacataatga aaaccaattc attttaataa1860
45 tcagattatt attttgtaag ttgtggaaaa agctaattgt agttttcatt atgaagtttt1920
cccaataaac caggtattct aaacttgaaa aaaaaaaaag tgcacgc 1967
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 612 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

15

```
cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgctca 60
ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
ctgactgagt gcttgacggt ggaccccctc agtgccagcg tctggaggca gctgtaccct180
aagcacctgt cacagtccag ccttctgctg gagcaacttg tcagctcctg ggagcagatt240
20 cccaagaagg tacagaagtc tttgcaagaa accattcagt ccctcaagct taccaaccag300
gagctgctga ggaagggtag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
aagggcctgt tgcagcaggt tcagggtcct cggtgccct ggacgcggct cctcctgttg420
ctgctggtct tcgctgtagg cttcctgtgc catgacctcc ggtcacacag ctccttcag480
gcctccctta ctggccggtt gcttcgatca tctggcttct tacctgctag ccaacaagcg540
25 tgttccaagt ttactcctac agtctgcaag gttacaggtt ggttggggga gaaatgccgt600
tttggggttc ca 612
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```
tttcggcaca gcatgaatgg ctgcgagaag gacagctcgt ccacagattc tgctaacgaa 60
aaaccagccc ttatccctcg tgagaaaaag atctcgatac ttgaggaacc ttcaaaggca 120
```

```

cttcgtgggg tcacaggccc aaatattgag aaatcagtga aggatttgca acgctgcacc 180
gtttctctaa ctagatatcg cgtcatgatt aaggaagaag tggatagttc cgtgaagaag 240
atcaaagctg cctttgctga attacacaac tgcattcattg acaaagaagt ttcattaatg 300
gcagaaatgg ataaagttaa agaagaagcc atggaaatcc tgactgctcg tcagaagaaa 360
5 gcagaagaac taaagagact cactgaacct gccagtcaga tggcagagat gcagctggcc 420
gaactcaggg cagaaattaa gcactttgtc agcgagcgta aatatgacga ggagctcggg 480
aaagctgccc ggttttctcg tgacatcgaa cagctgaagg cccaaatcat gctctcgga 540
gaaattacac atccaaagaa caactattcc tcaagaactc cctgcagctc cctgctgcct 600
ctgctgaatg cgcacgcagc aacctctggg aaacagagta acttttcccg aaaatcatcc 660
10 actcacaata agccctctga aggcaaagcg gcaaacccca aaatggtgag cagtctcccc 720
agcaccgccc acccctctca ccagaccatg ccggccaaca agcagaatgg atcttctaac 780
caaagacgga gatttaatcc acagtatcat aacaacagcg taaatgggcc tgccaagtgc 840
cagggcagtg ggaatgaagc cgagccaatg ggaaaggcca acagccgcca cgaacacaga 900
agacagccgc acaacggctt ccggcccaaa aacaaaggcg gtgccaaaaa tcaagaggct 960
15 tccttgggga tgaagacccc cgaggccccg gccattctg aaaagccccg gcgaaggcag 1020
gcacgctgca ggacacctcg ggaggccag gggcctttcc ggggttagtt ttcggttagg 1080
ggttttcaca gttgcatttt tttgccccca cggaggatta ggaagttttt ccacagatgg 1140
caggcatttt ttttgagttc ccggttttt gacgttttgg ttg 1183

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 891 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
45 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcy caggcgcccg gactccgctc agtttccggt 120
gcgcgcaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggt ttctagggtt gttacgaagc 180
tgaggagcgc agatggaggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag 240
cggcgaggct ttagcgagg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gctcggggca 300
aatgggcttc ccaaacactc ctactggttg gacctctggc ttttcactct tttcgatgtg 360
50 gtggtgtttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttgttc gctgatattc aaattaagaa 420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac 480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gacccttctt ttcattttac actttgttac 540
taatttgtag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaa 600
attaaacctt ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg 660
55 aatataaaag catttgtact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct 720
tttaatgttt taagagttga tcaggggttt actatggatt gcaagtaata gggatgatta 780
ataaggggaa ggtttttatg gaatttcaaa agtcaattta tttcaaaagg gggggaaagg 840

```

gttttgagag gaggggggcc caaggtgttc ctggggtttg ccgaggagg c

891

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 482 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

tctctaaata gtaccttttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcaccga 60
gcggtttata attcattcag ttttccaggc caggcagccc gctatccttg gatggccttt120
ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaacc ccacctcaaa tagtaatttc180
30 ttggacttga atctcccgcc acagcacaac acaggtcttg gagggatccc ttagcaggg240
gaagaagagg tgaaggtttc gaccatgcca ctgtcaacct ctteccattc attacaacaa300
ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360
attagactct ggggtgcttg catgggcaac tggatttttg catgattcct ttatgatttt420
gcttttaatg tatacaccca gaagagccaa tataaacggt cctcatgcct aaaaaaaaaa480
35 aa 482

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

ctcgagccgt gggcagtgcc cgcaaatgcg cggagacact gaccttcagc gcctcggctc 60
cagcgccatg gcgccctcca ggaagtctct cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg 120
10 gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccaaagggtgc cggccgacac 180
cgaggtgggt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc 240
caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga 300
gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggtcctgg ggcactcaga 360
gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct 420
15 ggcagaggga ctcgagtaga tcgcctgcat tggggagaag cttagatgaa agggaagctg 480
gcatcactga gaaggttggt ttcgagcaga cagagggtca tcgcagataa cgtgaaggac 540
tgtggcaagg tcgtcctggc ctatgagcct ttttttgggc catttggtgc ctggcaaggc 600
cttcaaacag 610

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2072 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

gggtcatgta ggtacaacag caaccaagaa gatcgatgac tacctgccct ctgcactcga 60
gccaggacag actgctgcc aatgacctgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120
tgatcgggct catctgctgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180
atgtcagtgct ctactgcctg catattgctg aggatgatgg ggaggtggac accgatttcc 240
ccccgctgga ttccaatgag ccatttcata agtttggtt cagtactttg gcccctggtt 300
50 gaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtcac tctttgttcg aataaatgct 360
gtcatggat tctcccttat tcaggtggac aacacaaagg ttaccatgaa ggaaatctta 420
ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagttt caggccctca gtaccgctg 480
gagaagcaga gcgagcccaa tgcgcctgtt gacctggaca gcactttgga gagccagagc 540
gcatgggagt tctgcctggt ccgcgagaa agttcaaggg cagacggggg ttttgaggag 600
55 gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatattgctta gcagccacca ttacaagtca 660

```

5  ttcaaagtca gcatgatcca cagactgoga ttcacaaccg acgtacagct aggtatctct 720
   ggagacaaag tagagataga ccctgttacg aatcagaaaag ccagcactaa gttttggatt 780
   aagcagaaac ccatctcaat cgattccgac ctgctctgtg cctgtgacct tgctgaagag 840
   aaaagcccca gtcacgcaat atttaaactc acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900
10 ctctactttg aatcggaagc tgctaccgtc aatgaaattg tgctcaaggt taactacatc 960
   ctggaatcgc gagctagcac tgcccgggct gactactttg ctcaaaaaca aagaaaactg1020
   aacagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat ccgggcagca gtgacactgg1080
   cctccagcct caatctgttc cgtagctcag agcctgcctg ccagggccaa gtgccctaga1140
   gccaccccg tgctctgaag tcctcggggg gaggccagcc cctggctcac tggcacaggg1200
15 caggtgggct ctcggggaag gtgtcggggg cccctagga gggagcgtg gggacattgc1260
   catgggacg aagtctgctt ggcagtggct ttgataagcg atgcttgggg gtcagaccac1320
   cccctagagg agcccagtg cgcacagcca ccttcaatgc ctgccacct gcccgaggat1380
   gtacagagcc gtgcccacac atttccttgc aacttgatca aatttcttaa agcaaacac1440
   aaaaatgtac atttctgttt ttcttttaa taaacagggt tactctttat catggttgg1500
20 atgatggacc attcttggg gcggaggatt gattatgtta ctctcttaa aatctgttcc1560
   catattgaac aggcagattg gaaaagctat ggttcgattt ctcaagaaga atgtttagg1620
   cttagtcaat agttttaact atgccatttg tttaaataag tgcatttgct tcgagggtag1680
   tgtcttacta aaagttagga acagagacct agtgggtgtg ccaaggccgt gtcactttcc1740
   ccttcagcac accccagctt ctgacctcag agcccaggag ctgctgtggc agtgtgggt1800
25 gccaggagga ggggcggtg ctggtcctca ggcacgtgc actcccagcc agacatgg1860
   tttccgttcc ttaagtagca agtgtagggt tcagctggca gttccacctg catgttctct1920
   gcttcgctgc cttggaagg ggcacattcc ccattcctct tctccttaca gcgcctgct1980
   cctttttaag caggcggaag gctgctgttt ctacagttt agggagaggg gtgaccagga2040
   gactgtgtcg tgcgtcgtc ctgggtggac ag 2072

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

50 tttatggagt tagagcaggg gaacttaaaa acaaaagtgt atttaataac ttcagagac 60
   tgtgataacc agtttatatt tgaaatatat acagcacttt gggagactga ggggtgaccc120
   tgatagctct ttgcacagtg atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat180
   tttgcttaac ttctctttta aggataactt tccatttgat cctccatttg ttcgagtggt240
55 gttacctggt ctctcaggag ggtatgtatt ggggtggagga gcattatgta tggaaacttct300
   cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcacatgc aaataaatgc360
   caccttagtc aaaggcaaag ccagagtgc gtttgagca aataagaatc aatataatct420

```



```

agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta180
caccctccca aaggaagatg gctaaatatg ttgactgttg tatgtttgga ctaatgttgc540
tttaaagaaa atctttccaa catgcagaca aaagctttga gtgcccctat tacagcagta600
ccgaagatgt tagttaatag atatttttag ggataatctg tcactctgaca tccagtataa660
5 gttacagcct tcgcattttg ctcatttttag atatcttgga ctgagcagtg gggcctttac720
tgtatttttc ctgataaata cacatactgg ccaactcctta tctctttttc ttgaaaagtg780
aactttttta aggcagccaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt840
aactttccta tattgagccc atgggggttac aagggtttgg caatatattg ttccctttta900
cagccaatac aggttttaat cggatgtttc aatattgggt ttaggggatt ttaaggggccc960
10 tcttaagtca taatagccct                                     980

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 792 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

```

ctgtttggca gggcggggag cctcgcaag atggtggcgc gcgcggcgtg tggtcccgct 60
cgtctggcca agtctcagcg cagcaacgc gccggcgtct cgttggcctg gagccacac120
ccaccgggtc cctgaccccg cgcccccgcc gcccggttcc cgcatgcct cgcgcccgt180
40 agggaaacac gctccggaag ggtggtcagc gccgtggagg agtgcccgg agcagtggcc240
aagctgactc gggttccagt gacgatgagg cagccagtga ggcccgcagc accgccagt300
aatgccccag ccttctcagc accactgcag aggacagcct tgggggggat gtcgtggat360
agcaagggcc agcaggaaga ccttgaggaa aagctgaagg agtatgtgga ctgtctcaca420
gacaagagtg ccaagacccg gcaggtgcct cttgagagcc tgcgcctggc ctagcgtcc480
45 cgccactcc ccgacttctt gctggagcgc cgccctcacgc tagccgatgc cctggaaaag540
tgccctcaaga aagggaaggc cgaggaacaa gccctggctg ctgctgtgct aggcctgctc600
tgctgtcagc tggggccctg acctaagggt gaggagctgt ttcacagcct gcagcctctg660
ctggtctctg tgctcagtga cagcacagct agccctgctg cccggctcca cgtgagttgc720
ctgtgcccc tgaaccctt cctgcaact atccctcagc agagtgggtg gttcccccta780
50 tcttcagcct cc                                     792

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1092 Basenpaare

55

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

20
gtgggtcccc ccggttccgg cgcggttag gccttcggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60
atgtctggtt tgtctggccc accagcccgg cgcggccctt ttccgttagc gttgctgctt 120
ttgttcctgc tcggcccag attggtcctt gccatctcct tccatctgcc cattaactct 180
cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaa gacctgctag tgactggcgc gtacgagatc 240
25 tccgaccagt ctggggggcg tggcgccctg cgcagcacct caagatcaca gattctgctg 300
gccatattct ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgccctt accactgaag 360
attatgacat gtttgaagtg tgttttgaga gcaaggggaa agggcggata cctgaccaac 420
tcgtgatcct agacatgaag catggagtgg aggcgaaaaa ttacgaagag attgcaaaag 480
ttgagaagct caaaccatta gaggtagagc tgcgacgcct agaagacctt tcagaatcta 540
30 ttgttaatga ttttgcctac atgaagaaga gagaagagga gatgcgtgat accaacgagt 600
caacaaacac tcgggtccta tacttcagca tcttttcaat gttctgtctc attggactag 660
ctacctggca ggtcttctac ctgacgacgt tcttcaaggc caagaaattg attgagtaat 720
gaatgaggca tattctcctc ccaccttcta cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780
cctggcctaa ggcacacctc caacagcacc atcaaggcac gttggagctt tcttgccaga 840
35 actgatctct tttggtgtgg gaggcacatg ggtaccacct acaccaaca agtcaatgag 900
ggacttcttt ttaatttggg aggatcttga ctgggtttgc aacaataggt ctattattag 960
agtcacctat gacaaaaaat agggggttac ctagataatg ccaaagtcag catttgctccc1020
gggtcccctt gtgggagctg tgggacgatg ttttcttttc tgcccctttt ccggagcgtg1080
gggggccaaa ta 1092

- 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1523 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

10

```
ctcatgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60
atgcaagaga tggaggttta cgtggagaac atccgcagaa gtttgggggt ttttaattact 120
ctccatttag gacaccctac acaccaaca gccagtatca aatgctgctc gatcccacca 180
accccagcgc cggcactgcc aagatagaca agcaggagaa ggtcaagctc aactttgaca 240
15 tgacggcatc ccccaagatc ctgatgagca agcctgtgct gagtgggggc acaggccgcc 300
ggatttcctt gtcggatatg ccgcgctccc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360
gctccgacgt ggagcaggat gctgagaaga aggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420
aggagtccat ggacttccag ggataagagc acagcttcac cagccatcca ccaagacggg 480
acaagcaggg agtttatccg gcagccaaaa gccttctct cctcaactgt cagctcctat 540
20 cagcagcaaa acggacaaaa cctccaccac cggcagcatc ctgaatctta acctggatcg 600
aagcaaagct gagatggatt tgaaggagct gacgagtcg gtccagcaac agtccacccc 660
tgttcctctc atctctccca agcgccagat tcgtagcagg ttccagctga atcttgacaa 720
gaccatagag agttgcaaag cacaattagg cataaatgaa atctcggaag atgtctatac 780
ggccgtagag cacagcgatt cggaggattc tgagaagtca gatagtagc atagttagta 840
25 tatcagtgat gatgagcaga agtctaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900
ttgtcagatg gacaaagagc catctgctgt taaaaaaaag cccaagccta caaacccagt 960
ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc 1020
agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaccttct 1080
30 acctcacccc ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcca 1140
tttgggcctg gactctgatt cagagagcga acttgtcata gatttaggag aagaccattc 1200
tgggcggggg ggtcgaaaaa ataagaagga acccaaagaa ccatctccca aacaggatgt 1260
tgtaggtaaa actccaccat ccacgacggt gggcagccat tctcccccg aaacaccggt 1320
gtcacccgcg tcttcgccc aaacttccgc ggtggcgcc acagccacca ccagcagctc 1380
ctccacggtc accgtcacgg ccccgcccc cgccgccaca ggaagcccag tgaaaaagca 1440
35 gaggccgctt ttaccgaagg aggaactgcc cgccgtgca gcgggtccgt gtggaactca 1500
tcaagtaaag tttcaaacgt cct 1523
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2241 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

5
cgccgcccaa ggcgcagaag ccgagctggg aaaagggagg cagaggaggc ggaggcagag 60
gcagaggcag agcccggtgc cgagaccaag cgacagaccg gcggggctgg gcctcgcaaa 120
gccggctcgg cgagctctcc cgacaccoga gccggggagg aaaagcagcg actcctcgct 180
cgcatccccc ggagccgcac tccagactgg ccggtagtc aggggctcag gagcagatcc 240
10 cgaggcaggc tttgtcagc ctccgacgag ggctggccct ttggaaggcg ccttcaacag 300
ccggaccaga caggccacca tgaccgagaa ttccacgtcc gcccctgcgg ccaagcccaa 360
gcggggcgaag gcctccaaga agtccacaga ccacccaag tattcagaca tgatcgtggc 420
tgccatccag gccgagaaga accgcgctgg ctccctcgcg cagtccattc agaagtatat 480
caagagccac tacaaggtgg gtgagaagcg tgactcgag atcaagttgt ccatcaagcg 540
15 cctggtcacc accggtgtcc tcaagcagac caaaggggtg ggggctcgg ggtccttcog 600
gctagccaag agcgacgaac ccaagaagtc agtggccttc aagaagacca agaaggaaat 660
caagaagta gccacgcca aagagccatc caagcccaag aaggctgcct ccaaagcccc 720
aaccagaaa cccaaagcca ccccggtcaa gaaggccaag aagaagctgg ctgccacgcc 780
caagaaaaggc aaaaaaccca agactgtcaa agccaagccg gtcaaggcat ccaagcccaa 840
20 aaaggccaaa ccagtgaac ccaaagcaaa gtccagtgcc aagagggccg gcaagaagaa 900
gtgacaatga agtcttttct tgcggacact cctcctgtc tcctattttc tgtaataaat 960
tttctccttt tttctctctt gatgtcacc accacctttt gcccccttct gttctgactt1020
tataagagac aggatttga ttcttcagaa attacagaat aattcatttt tccttaacca1080
gttgtgcaag gacagcaaca accaatctaa tgatgagaat gtacttatat tttgttttgc1140
25 tattaaccta cttacggggt tagggatttg cgggggggct tgtgtgtttt gttggcttgc1200
ttgccatgaa ggtagatgtg ggtggggaga agacacaagg cagtttgttc tggctagatg1260
agagggaaac caggaattgt gaggttagca ggaatatctt tagggtagt gagttttcct1320
tgagttgggc acccgttgtg agagtttcag aacctttggc cagcaggaga gaggtgtag1380
ggagcagcca gccggcaag gaaggaggtg gaaaaaaacc gccaccgggc tgacttccac1440
30 ctcccagtgg tgagcagtgg gggcccaaac ccagtttctc tctcattttt gttagtttgc1500
cctttcgcc tccctatttt cttagggaag gggagtgagg tccaagtga agctggatgg1560
gagaagccat agtttctccc agtcagctag gatgtagcca ttgggggatc tttgtggctt1620
cagcaaatc tcttgtaaa ccgagtgaa aacttcaggg gaagggtggg gagtcagcca1680
agtgcctcag tgtgccctgt tgaaacttag gtttttccac gcaatcgatg gattgtgtcc1740
35 taggaagact tttcttttcc tctggatttt tgttcctcct gtacaagagg tgtctttgct1800
tggtttggtg gggctgcggc cacttaaaac ctccgatct ctttttgagt cctttattat1860
aagtagttgt agctgcggga ggggagggg gagtggcg gcagtggata gtaagactta1920
ctgcagtcga tttgggattt gctaagtagt ttacagagc tagatctgtg tgcagtgtgt1980
tgtttgtgta tatatacata tctagggcta gtacttagtt tcacaccogg gagctgggag2040
40 aaaaaacctg tacagttgtc tttctcttat ttttaataaa atagaaaaat cgcgacttg2100
cgcgctcccc cccaccccc ttttttaaac aagtgttact tgtgccggga aaattttgct2160
gtctttgtaa ttttaaaact ttaaaataaa ttggaaaagg gagaaactga aaaaaaaaaa2220
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2241

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 631 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

tgacaatggc ttctttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtggaatcg aatcagaagt 60
ggtggctgga attccacgca ccgatcagta ctgggaaaag atctaactcg ccgtgggcct120
gtcgtgccag tcttgggggc gagatggggg tagaaatgca tgtgatgcgt taagttcacg180
15 taagatacaa gtttcagaca gggtcggaag gactggattg gccaaacatc agacctgtct240
tccaaggaga ccaagtcctg gctacatccc agcctgtggt tacagtgcag acaggccatg300
tgagccaccg ctgccagcac agagcgctct tccccctccg tgatccatcc atctccaggg360
agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gaggttcctaa caggatgaaa gttcccccat420
cagttccccc agtacctcca agcaagtagc tttccacatt tgtcacagaa atcagaggag480
20 agatggtgtt gggagccctt tggagaacgc cagtctccca ggccccctgc atctatcgag540
tttgcaatgt caaacctctc tgatcttggt tcagatgatt cttaatagga gtttatTTTT600
cgggcagctg cgaatcaggg gggtaaccag g 631

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

ggggccggga gggtagcttag ggccggggct ggcccaggct acggcggtcg cagggtctccg 60
50 gcaaccgctc cggcaacgcc aaccgctccg ctgcgcgcag gctgggctgc aggtctctcg120
ctgcagcgtc gggtagatct aggatccggc ttccaacatg tggcagctct gggcctccct180
ctgctgctgt ctggtgttgg ccaatgcccg gagcaggccc tctttccatc ccctgtcggg240
tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccgggc acaacttcta300
caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtggtacc ttcttggttg ggcccaagcc360

```

acccagaga gttatgttta ccgaggacct gaagctgcct gcaagcttcg atgcacggga420
acaatggcca cagtgtccca ccatcaaaga gatcagagac cagggctcct gtggctcctg480
ctgggacctt ggggtgtgg aagccatctc tgaccggatc tgcattccca ccaatgcgca540
cgtcagcgtg gaggtgtcgg cggaggacct gctcacctgc tgtggcagca tgtgtggga600
5 cggtgttaat ggtggtatc ctgctgaagc ttggaacttc tggacaagaa aaggcctggt660
ttctggtggc ctctatgaat cccatgtagg gtgcagaccg tactccatcc ctccctgtga720
gcaccacgtc aacggctccc ggcccccatg cacgggggag ggagataccc ccaagtgtag780
caagatctgt gagcctgggt acagcccgac ctacaaacag gacaagcact acggatacaa840
ttctacagcg tctccaatag cgagaaggac atcatggccg agatctacaa aaacggcccc900
10 gtggaggag gttctctgtg tattcggact tctgcctaga gtcagggggt acaaaagtcc960
cgggaatttg gggggccgcc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

cacatgttcg gggaccgagt ggggtcaatc ttctggtgct gcctctccag gtctcttcca 60
ggccgggtcat agacgtactc cctctgaggg cgaccgatgg ttagaagagg tgtctaagag 120
40 cgtccggggt cagcagcccc aggcctcagc tgctcctctg cagccagttc tccagcctcc 180
tccaccactt gccatctccc agccagcatc acctttccaa gggaatgcat tcctcacctc 240
tcagcctgtg ccagtgggtg tggctccagc cctgcaacca gcctttgtcc ctgccagtc 300
ctatcctgtg gccaatggaa tgccctatcc agcccctaat gtgcctgtgg tgggcatcac 360
tccctcccag atggtggcca acgtatttgg cactgcaggg caccctcagg ctgccatcc 420
45 ccatcagtca cccagcctgg tcaggcagca gacattccct cactacgagg caagcagtgc 480
taccaccagt ccttcttcta agcctcctgc tcagcacctc aacggttctg cagctttcaa 540
tgggtgtagt gatggcaggt tggcctcagc agacaggcat acagagggtc ctacaggcac 600
ctgccagtg gatccttttg aagcccagtg ggctgcatta gaaaataagt ccaagcagcg 660
tactaatccc tcccctacca acctttctc cagtgaacta cagaagacgt ttgaaattga 720
50 actttaagca atcattatgg ctatgtatct tgtccatacc agacagggag cagggggtag 780
cggtcaaagg agcaaaacag actttgtctc ctgattagta ctcttttcac taatcccaa 840
ggtcccaagg aacaagtcca ggcccagagt actgtgaggg gtgattttga aagacatggg 900
aaaaagcatt cctagagaaa agctgccttg caattaggct aaagaagtca aggaaatgtt 960
gctttctgta ctccctcttc ccttaccctt ttacaaatct ctggcaacag agaggcaaag1020
55 tatctgaaca agaattctata ttccaagcac atttactgaa atgtaaaaca caacaggaag1080
caaagcaatc tccctttgtt ttccaggcca ttcacctgcc tcctgtcagt agtggcctgt1140
attagagatc aagaagagtg gtttgtgctc aggtctggga acagagaggc acgctatgct1200

```

gccagaattc ccaggagggc atatcagcaa ctgcccagca gagctatatt ttgggggaga1260
agttgagctt ccattttgag taacagaata aatattatat atatcaaaag ccaaaatctt1320
tatttttatg catttagaat attttaaata gttctcagat attaagaagt tgtatgagtt1380
gtaagtaatc ttgccaaagg taaaggggct agttgtaaga aattgtacat aagattgatt1440
5 tatcattgat gcctactgaa ataaaaagag gaaaggctgg aagctgcaga caggatccct1500
agcttgtttt ctgtcagtca ttcattgtaa gtagcacatt gcaacaacaa tcatgcttat1560
gaccaatata gtcactaggt tgtagttttt tttaaataaa ggaaaagcag tattgtcctg1620
gttttaaaac tatgatggaa ttctaattgtc attatttttaa tggaatcaat cgaaatatgc1680
tctatagaga atatatcttt tatatattgc tgcagtttcc ttatgttaat cctttaacac1740
10 taaggtaaca tgacataatc ataccataga aggaacaca ggttaccata ttggtttgta1800
atatgggtct tgggtgggtt tgttttatcc tttaaatttt gttcccatga gttttgtggg1860
gatggggatt ctggttttat tagctttgtg tgtgtcctct tccccaaac ccccttttg1920
tgagaacatc cccttgacag ttgcagcctc ttgacctcg ataacaataa gagagctcat1980
ctcattttta cttttgaacg ttggccttac aatcaaagt aagttatata ttttgtact2040
15 gatgaaaatt tataatctgc tttacaaaa ataatgttc atggtagaaa aatttgccca2100
tgaagggtg ttccttcccc tttcctttat tagtaaatga atttattttt cgctcttttg2160
gtcttactct ccattctact gctgctgtaa atccctagtt tagtgactag aaaaataccc2220
ttaagattca tattttca 2238

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 398 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

45 tgcagattgg ttggggcagc ccggggaggc tggctccgac acacgactga gtgtgcctac 60
actggtccca caggttttca gctgtggagt ttgggatctg agcttgagc ccatttggtt120
ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg180
agaccagaag tcaacaacag gaggtggag aggccgggtc tcacaatccg cttggctggg240
gagtccactg aggttcttgc atcctgaagc aaaccatgga gagctggtg ggacttccct300
50 gttttgctgt cctgtgtttt ctaatgcacg cccgaggtca aagagacttt gattttggca360
gatgcccttg atgacctga aaccaccaa gaagccaa 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

20

ggcgggtggcg gaagtgggag cgggcctgga gtcttgccca taaagcctga ggcggcggca 60
cgcgaggagt ggcggttg agagctcggg agagttccct ggaaccagaa ctgggacctt 120
ctcgcttctg tcttcggtt agtctcctcc tcggcgggag cctcgcgacg gcccgggccg 180
gagccccag cgcaggcccg cgtttgaagg atgacctcta ggaagaaagt gttgctgaag 240
25 gttatcatcc tgggagattc tggagtcggg aagacatcac tcatgaacca gtatgtgaat 300
aagaaattca gcaatcagta caaagccaca ataggagctg actttctgac caaggaggtg 360
atgggtgatg acaggctagt cacaatgcag atatgggaca cagcaggaca ggaacgggtc 420
cagtctctcg gtgtggcctt ctacagaggt gcagactgct gcgttctggt atttgatgtg 480
actgccccca acacattcaa aaccctagat agctggagag atgagtttct catccaggcc 540
30 agtccccgag atcctgaaaa cttcccatth gttgtgttg gaaacaagat tgacctcgaa 600
aacagacaag tggccacaaa gcgggcacag gcctggtgct acagcaaaaa caacattccc 660
tactttgaga ccagtgcaca ggaggccatc aacgtggagc aggcgttcca gacgattgca 720
cggaatgcac ttaagcagga aacggaggtg gagctgtaca acgaatttcc tgaacctatc 780
aaactggaca agaatgaccg ggccaaggcc tcggcagaaa gctgcagttg ctgagggggc 840
35 agtgagagtt gagcacagag tcttcacaa accaagaaca cacgtaggcc ttcaacacaa 900
ttccctctc ctcttcacaa caaacatac attgatctct cacatccagc tgccaaaaga 960
aaaccccatc aaacacagtt acacccaca tattctctca cacacacaca cacacggcac 1020
acacacacac acaggttttg acgttattca gattgcggcc tttgccgtgt tgggttcgtg 1080
gggg 1084

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare
45 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

10

```
taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgatttgta 60
gtaatcgaag aacatgttta tgggaacagg gtgactcagc tctcctgggg aggatggatg 120
aggagttagc aggaagagag ggtaccaagt gaggggaaag cagcagggtg ggtctggggc 180
atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatctttta ttcattgctt ttcacaggag 240
15 ctgaagtggg aatcagtaca tcgagaatcc acggccgggg accagtagga cttgagggac 300
tgcttactac taagtggctg ctgcgaggga aggaccacgt ggtctcagat ttctcagagc 360
atggaagtgt aaaatatctt catgagaacc tccctattcc tcagagaaac accaactgaa 420
aagagccagg aaaaccgggg aattttccaa aagggtcttc cgttaaaactt gtcttatctc 480
aggagagagc ccgctcttgt ctcccagttc ctggtagggt ctgcctgttg gaaagtgtac 540
20 ctggatgctt ctgggctccg tttggcaata gcaatcttgg ctgatgtgca cagtctggct 600
cccagctcac cttttttttt taaaagtaag aaaatagttg ctaccgatag ggactttgcc 660
aagtccaatt atcttctagg attgaaaggt gcattttccc cataaaaaag gcgaggaaaa 720
cccatggctg ctttgtgtca cctcagtgac ttacagtcct ccttggcatt tagttggtac 780
tagagccagt catccttaac aaatcttttc acattttatt tctttcacat gtagtcatct 840
25 tcaaaaagga aagatttga attttagaaa aggggcaact cttcttttta gcattctcat 900
cagaaagtca caaaaatcga tggaatcatt tccactggga agattgacct tttgtattta 960
tttgtggggt aaattaataa gcattccaga tgcttgagc ttcctgcac caggagatgc 1020
tgtgttcccc gtgatgcagc tggaacccaa gctgcagcag gagatgcaag tttcaggatg 1080
ttcccactg agctggagga atatctacag cagtgatgct tgaaattttt gtatgaatta 1140
30 ttttgtctgc ctaccctttt cctccaaaac aaaaattaga ggattatttt aatactttgg 1200
attcttcccc cttttttgag aaataaagtt ttttatgaaa agccaaaaaa aaaaaaaaaa 1259
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1938 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggt gttgggggtg cggtgacgac aggcagcaaa 60
agaccagctg gtcccagatt cgctgctgga gtgctggatg gagcctttct ctgccctctg 120
tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc ccccgggacc ccttgagacc 180
5 cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac cccaggatg ttgcggagcc 240
tgctggagcg gccttgacag ctggccctgc ttgtgggctc ccagctggct gtcattgatgt 300
acctgtcact ggggggcttc cgaagtctca gtgccctatt tggccgagat cagggaccga 360
catttgacta ttctcacct cgtgatgtct acagtaacct cagtcacctg cctggggccc 420
cagggggtcc tccagctcct caaggtctgc cctactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
10 tgggtcctgt gtccgtgtcc tttagcccag tgccatcact ggcagagatt gtggagcgga 540
atccccgggt agaaccaggg ggccggtacc gccctgcagg ttgtgagccc cgtccccgaa 600
cagccatcat tgtgcctcat cgtgcccggt agcaccacct gcgcctgctg ctctaccacc 660
tgacccctt cttgcagcgc cagcagcttg cttatggcat ctatgtcatc caccaggctg 720
gaaatggaac atttaacagg gcaaaactgt tgaacgttgg ggtgcgagag gccctgcgtg 780
15 atgaagagtg ggaactgctg ttcttgacag atgtggacct cttgccagaa aatgaccaca 840
atctgtatgt gtgtgacccc cggggacccc gccatgttgc cgttgctatg aacaagtttg 900
gatacagcct cccgtacccc cagtactctg gaggagtctc agcacttact cctgaccagt 960
acctgaagat gaatggcttc cccaatgaat actggggctg ggggtggtgag gatgacgaca1020
ttgctaccag ggtgcgcctg gctgggatga agatctctcg gccccccaca tctgtaggac1080
20 actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga ggaaaatccc cacagatttg1140
acctcctggt ccgtaccag aattcctgga cgcaagatgg gatgaactca ctgacatacc1200
agttgctggc tcgagagctg gggcctcttt ataccaacat cacagcagac attgggactg1260
acctcgggg tctcgggct ccttctgggc cagttaccc acctggttcc tccaagcct1320
tccgtcaaga gatgctgcaa cgccggcccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgcca1380
25 accacacagc cctccgaggt tcacactgac tctccttcc tgtctacctt aatcatgaaal440
ccgaattcat ggggttgtat tctcccacc ctcagctcct cactgttctc agagggatgt1500
gagggaaactg aactctggtg ccgtgctagg ggttaggggc ctctccctca ctgctggact1560
ggagctgggc tctgttagac ctgaggggtc cctctctcta gggctcctg tagggcttat1620
gactgtgaat ccttgatgtc atgattttat gtgacgattc ctaggagtcc ctgcccctag1680
30 agtaggagca gggctggacc ccaagccct ccctcttcca tggagagaag agtgatctgg1740
cttctcctcg gacctctgtg aatatttatt ctatttatgg ttcccgggaa gttgtttggt1800
gaaggaagcc cctccctggg cattttctgc ctatgctgga atagctccct cttctggtcc1860
tggctcaggg ggctgggatt ttgatattt ttctaataaa ggactttgtc tcgcaaaaaa1920
aaaaaaaaa aaaaaaaa
35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

```
5  caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcatt cttcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
   tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
   tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtgagg glagaatgac 180
   tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaaca tgtattttct tcacctctgc 240
   tactcaagta gcatttactg tgtctttggg ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
   accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
10  aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
   tttgcattct cctccttccc ctctcttgta gccttttgac tttcattgga aattaggatg 480
   taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcattctcagg ttaagtgtga 540
   gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atatttttga acttccatgt gagggttttc 600
   agcattgata tttgtgcatt ttctaacac agatgaggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
15  ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
   ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
   ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataattg ggttccattc 840
   tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccccctac tcttacttcc cccaaattta 900
   aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tctctcctca cacacagact 960
20  catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagt gttcaaacat ttaccaatca 1020
   tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
   tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg 1140
   gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
   tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgtgttcl 1260
25  tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggtattt 1320
   tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt 1380
   agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
   agtctgggag tggggaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
   tgagggaaaa gggagggaaa aggaagtatt gggataacct gtgggtggtg tgatccctag 1560
30  gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggaattt ccatccctg tgggaaattal 1620
   gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaaagc 1680
   aaaccacagt tcaggatggg aattcttatt ctttcgttca gtttaagttt tcccttcatt 1740
   tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
   tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
35  tcaaaaaaaa aaat 1874
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- 40 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

```
55  RDIWTMNLQR YWGEIPISSS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60
   PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIAATAQA QNQQQTEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL120
   LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEP VTELSWHSCR QLLYQSGSTN PGQRRAFDCA180
   NESVLEDPNL MLAHEYWP 198
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

20 IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRG GSWTSTRRNS RGSKSKELLL VWLDDIGISP60
QYLCRFIVHM SLQVQQTFIK CQAFCVGQRL IM 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 25 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 DPCPERSTKN RHGAQGMPKS LQGFP RSRSAGAGANHRVLR SPDVQGSRKT GRSGPEPRQG60
GTTLFTAASQ SGLGGCLDLE RPEARIASDP ESWFVD 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

EGRVQQGSFV NVQQGPQEPF IEFHQLTQA IKSTHGTSTI PRVSRITLKD KP

52

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

PSRTSHSGTL PIPRLKICEFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFTL NFLNLDN

47

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

LSKFKKLRVN NTCASSVVGSLFIFPLFLKH IFKRGMGNVP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60
ALNCLG

50

66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

REGEGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL PPSSSESWEC CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60
AQHSACVPFC SGSLSPPPSQ PQRLSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120
VFESHWGMEC PCILCCRSPH LHLRGLGSPS SPQCPQSLSQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180
20 TWVASCP 187

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

25

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPWCWGLDP TTPAHLAEHL VPIEDCLPLL LHLQLPPLL 60
TFHTLQDCVC SGSPGECSSC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSDQRVHQH QEGHVEQQGT120
HHGQVDDNDD LDGGGLRSSY LHSHSRQ 147

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

10 FFFFWREIK QFNDGFLDLH TTLRQEDKIF SPCTGTTKFR DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60
SCSNRPSGSV TVDTGERRDC PDPSSAGEGT GSRVCMGTPC PSARSAQGT A NTSFQCTLKT120
QWAQGAQLSH QSCPQGSWSG WG 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

15

(A) LÄNGE: 464 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

35

RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60
GCSVTLFLFP SQYVDVASLG LVPQLTGGTL YKYNFQMH L DRQQFLNDLR NDIEKKIGFD120
AIMRVRTSTG FRATDFFGGI LMNNTDVEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDGALIQCA180
VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINF FAKSAFKAVL HQPLKVIREI240
LVNQTAHMLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTERAY300
QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEEGI FLLANGLHMF360
LWLGVSPPPE LIQGIFNVPS FAHINTDML LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QKRPYSMKLT420
IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

5 TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLAQP QMMGVTDVGE VEVPLLDGFL 60
VNYQESQSVI HNILDQIPDM FADSNENETV FAPVIQAGME ALKAADCPGK LFIFHSSLPT120
AEAPGKLNK DDKKLVNTDK EKILFQPQTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

10

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

GSTVFTEFVI VLELHGCHLV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCAGT NPHNSIKAYF 60
LFNIISEVVQ KLLSIQVHLE IVVFVKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEEE CHRAAGEPRS120
PWPMSHRHLF GAGKVSSLCL Y 141

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 504 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

50 LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHDKMVAAAT 60
GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FFVGNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120
VQPITSYDAA GSFLLLGCNN GSIYYVDVQK FPLRMKNDL LVSELYRDP A EDGVTALSVY180
LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGV RVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240
ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGGCSA GNDIGPYGER300
DDQQVFIQKV VPSASQLFVR LSSTGQRVCS VRSVDGSPTT AFTVLECEGS RRLGSRPRRY360

LLTGQANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELMEQLE HCELAPPAPS APSWGCLPSP420
SPRISLTSLSH SASSNTSLSG HRGSPSPQA EARRRGGSF VERCQELVRS GPDLRPPPTP480
APWPSSGLGT PLTPPKMKLN ETSF 504

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

25 GQPARPGAMA AAATAAEGVP SRGPPGEVIH LNVGGKRFST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60
ISTLKDETGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRQL120
REELDRSSCG NVLFNGYLPP PVFPVKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPPNLGNAG180
LLGRMLDEKT PPSPSGQPEE PGMVRLVCGH HNWIAVAYTQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240
RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVMTRWWQQ PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

VPQDQGIPRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGRRRRSG PLRTSSWQRS 60
TKLPPPRRRR SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREMRG EGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120
50 CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMVVRSHM AKLPLAWPVS R 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

15 QLWGFAAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEKVDK DAELVAQWNY CTLSQEILRR 60
PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSDN PAWEGDKGNT120
KGDKHDDLQR ARFICPVVGL EMNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKAEV CHTCGAAFQE180
DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQQS LFQNQMSVKK PQGHQKLRQG240
20 SLKKPALILE RRPKTWLPKA QQ 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

40 CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAESELEKK TKKPKAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60
EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSSGKAG KPPCGATKRS IADSESEAY KSLFTTHSSA120
KRSKEESAHW VTHTSYCF 138

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

10 HLVLKQTLLP WWSLFSFPIR SQPSLLHPCL QHVHILLGAI EHDDIILLEG SPTRVANFRF 60
YLFQGSRLRKH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFSVSF IPFPGRIIRK120
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCRFVQEKFN DGIFVIKSAK FTGNYWSS 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

15 (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

30 HQWHITAMGS QHSAAARPSS CRRKQEDDRD GLLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRLRPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120
DDDGIVKVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKIR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180
35 MGGPFSYVYF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CGGNSTAI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVH QDLRYRAEEV HIGKRSSH LG LPGKIHHC VH VLNL AQAGH CHRVEVGVPD60
FQGGHDGENY KGVLLIKCDF HHFDAVIIHK D 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

5

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEEHQ T RCQETKQDGQ EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60
DAISPGEFHI WELSNGFLL SFSQQTVPVI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMPLVSCPA120
SSVGGAARTQ RAG 133

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAPE GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60
WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DTDTCYRVE EPETLVELQR NEWDFIIEWA EKRYGVEISS 60
STSIMGPSIP AKTREVLVSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120
LSRLEEEYQI QKWGNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

35

CLGLLHPVAD GVGVOQLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60
CTCQGL 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

40

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SWRETEIKEQ LTHELCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60
VESRRPVVRL ERPFQPAES VTLEFAKENR KCQEQAVSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120
QEGNDISAAL AT 132

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- 10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

25 QILMSHSPPO AEMASLNEPL VSLILLVLRV AISRPPQAP KSLHRLHLV VASTPPTSWP60
FGAHFAV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 30 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

45 NGLSKRTTGL LDSTSCSCSN LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSSNFLAFR SSFCCMIVQR60
CSVSCSFISV SRHE 74

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

15 GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60
VNQTSETASL QGQSPSTDEL ERDSEMQRP 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

20 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

35 GPLHFRIPLK LICTWTTLTK RGGFRSLIHR GDRTYLGHPM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60
LKERHGENFR VRAR 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPSQA HLYLSDPEA RRFPKSDSPR GQDLFGASDG SEKRREPKCK IFSRCRRNPS60
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

PSPAVLGDQP PSASGAVHRK LSLEVCCCQE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60
MLSSAAVWLG SRRLLTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- (A) LÄNGE: 495 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

SRTNTPVETW KSGSKGQSYT YIIIEENTTS FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60
NVMNGVASYC RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120
VPCGPGTKNN KIHSLCYNDC TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH180
FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240
PVSLADRLIG VTTDMTLDGI TSPAELFHLE SLGIPDVIFF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300
RCSFPQKTVPG SLLLPGTCSG GTCDCGNFHF LWESAAACPL CSVADYHAIV SSCVAGIQKT360
TYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE420
YKYSKLVNNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGF480
SVPLKTSSGG PDMDL 495

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 5 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

20 GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RMSGPPEDV FSGTESNPSG 60
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFITS LEYLYSSF 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

40 RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNRNAC QRGLFEKRVF SEPVLSVQEK GVLLKRKLSL 60
LEQDVIVNED GRNKLKKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPPELI DVSDFECSLC MRLFFEPVTT120
PCGHSFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEGINSEV SA 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- 45 (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

10 QIGGTVSHSC WKELIVKYL DELSERKKIY DEETAELSHL TKNVPIFVCT MAYPTVPCPL 60
HVFEPYRLM IRRSIQTGTK QFGMCVSDTQ NSFADYGCML QIRNVHFLPD GRSVVDTVGG120
KRFRVLKRG KDGCTADIE YLEDVKVENE DEIKNLRELH DLVYSQACSW FQNLDRFRS180
QILQHFGSMP ERRENQAAP NGPAWCWLL AVLPVDPYQ LSVLSMKSLK ERLTKIQHIL240
TYFSRDQF 248

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

35 HSTSYLLDTL LSFLCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSCR ENTRNLRHRL 60
ILLEYHHKLR KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHPVKE TTFFSAEHLF LELTEQVLR120
LFFQTVLSGR HFC 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSPEL EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFP CGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSGV QT 152

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGKPMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRSGGSSL PSGELWLCRA RVLL 114
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGSQRSS GLHPRPNIRG RGTLGGSPEP 60
45 LALILARVGQ PHVLPSLHLL HTVLVHFPLG EDEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGVLAPLSGN120
VFQLRG 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEFS FHSNKDRFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHTHS HTRTHMHT60
RACTHGHMHT HTHT 74

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

35 ILISFKQRQI CAFTQAECGH EYSAPAYIQR CTHDSPHQAQ TQSHTHTH AHTRVHTRTH60
ANTHAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

VCPCVHVCTC VHVCMCLRV R VCVHVSVCAR ACVHVVCVAC VTVCVLGGGN HAYIFVCMQG60
LNIHGHILLE 70

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

TVKFLRRLKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTFCFYQEFF60
FCSKTLVMGI F 71
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

45 YLNLQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTEPV 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLTSIC FSLLRTKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS

37

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFSGISLFII YFHDLSAKLL IFCRKKV

37

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNPWLHHKA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60

TSTISHVATF TSMPHKCLSE SPNSAFPQNK PNAIROKKKK

100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

5

- (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60
NIWNINLQLR PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120
MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPOSILA AAEKAGMSAE180
25 QAQGLLEKIA TPKVKNQLKE TTEAACRYGA FGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHLL240
GEKWMGPIPP AVNARL 256

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

30

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNN MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVSLSW 60
FFTFGVAIFS RSPWACSADI PAFSAAARML CGSVMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSE120
TAVRKRMAK LPPSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGSRP GGLFPLSEMI180
50 PVMRLGRNCR LMFQIF 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

15 EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DDKTNIKTVC TYWEDFHSCT VTALTDCEG 60
AKDMWDKLRK ESKNLNIQGS LFELCGSGNG AAGSLPAPF VLLVSLSAAL ATWLSF 116

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

40 KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPQAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60
AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFLDSFL SLSHISFAPS WQSVRAVTVQ120
LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLHRE180
DQ 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- 45 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

HLANKTQEIK RNKKENQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGRAGGA 60
GPTLRKARS LKLPRETPGA PGTPGAGTPP PRCRCRRVRI SCLGC 105

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

30 EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDEN TRIIWELIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60
RDATNDQVTK DAAEAIKKHN VGVKCATITP DEKRVEEFKL KQMWKSPNGT IRNILGGTVF120
REAIICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDQ YRATDFVVPD PGKVEITYTP SDGTQKVITYL180
VHNFEEGGVV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALSKGWPLY LSTKNTILKK YDGRFKDIFQ240
EIYDKQYKSQ FEAQKIWEYH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSVAQGYGSL300
GMMTSVLVCP DGKTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHRKLDN360
35 NKELAFFANA LEEVSITIE AGFMTKDAAA CIKGLPNVQR SDYLNTEFEF DKLGENLKIK420
LAQAKL 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

40

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLWSRQK WKQWDWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPLLL60
LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

LILIIHPHGN TTFFFKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSVL IPISMITYDD60
RFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 410 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

45 TDQPNIQSVK IHSPLRNPN KGCECPPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGKTV SEHSHSDHRE LGTVEKEATF SNPKTTSPNK120
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFISIDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVDSLEL GDMVEYSLSK240
GKGNKVSARE VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
50 GEVYPFGIVG MANKGDCLQK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPFV GHPNDKAWID LTFHIALLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
LSNAIH 126

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

KSHTSCNLLS RPLEVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

ATMRLSVCLL MVSIALCCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNLQVAK LNPPPEALAA60
KLEVKHCTDQ ISFKKRLLI 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTVISEA TAGQTRAWAW 50

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPFRT FSNEKPFLLR YLIGAVLHFQ LGCKSEFWRWI60
KFGNLEVYRS VT 72

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLTL SLD

53

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTKR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60
IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GSWANKSDL LHIKQVDPQL120
G 121

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

GPLPALAAGS TFPVLACSSA MAPKGSSKQQ SEEDLLQDF SRNLSAKSSA LFFGNAFIVS 60
AIPWLYWRI WHMDLIQSAV LYSVMTLVST YLVAFAYKNV KFVLKHKVAQ KREDAVSKEV120
10 TRKLSEADNR KMSRKEKDER ILWKKNEVAD YEATTSIFY NNTLFLVVVI VASFFILKNF180
NPTVNYILSI SASSGLIALL STGSK 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

30 VLHQDSSPSC LLAPNRPQQL HPLALCLWVA CGIWKSSRVV RVGDTRCFYS LEPLKNPAEC 60
NSVFVYWLFF DRLLKLNELK GKLRVLGRLL KGKKCLAMCC NHKRRK 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

STYGQYVVHC GVEVLQYEEG SNNDHDQEQS VVIEDGKCCS FIISNFILLP QDSFIFLLPR 60
HLSIISFRKF SSHFFGNSIL PLLCYFVLEN KFHLVCKGY QICAY 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

20 LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTQDN LDLANVNLML 60
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVYEDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT QRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
25 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDT VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 549

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

50 GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFECTSN SNIRLTLAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

15 FPSSLLFFFF FFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60
GIPNVPKVIK EGKEKKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

35 KKMVRLGLFS CLLAIYSLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60
IPCGLGEHVT RPGLLSPTAS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

LKKGKWAKAI HNRKCKWPRN MKRCSSSLIF KEKKEILPTR LAKIFKDSGL ADYRQTGILT60
NDGVVNW 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

SPEVGQALGT AGSRASRKMT SELSSLSISA SIRVSPQTDS LHMAQIQAYM VLGSWDLHKA60
FFPVVPAEVL LRAFLSLA 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

QAGKRALYKH TQTNTSGDGC VLLEQRLIKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60
ITTKSWQLLK EKGLCRCSN LSVNSCQQPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

(A) LÄNGE: 216 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LSLTSRMEEA ELVKGRLOAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNOQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180
AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRSKSL 216

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

40 FCFFISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFKCW CFSLSSSIFR RFCEISSCIF LLSVMAWSLP 60
FTSSASSILE VKDSQTGKQV QSYHKRSRLL GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 339 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

SSQLRRRLVP APAAPRPRPN HGVLRGRLRG DRWQWSHWAK WAMLFASGGF QVKLYDIEQQ 60
QIRNALENIR KEMKLEQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAMH IQECVPEDLE120
LKKKIFAQLD SIIDDRVILS SSTSLMPK LFAGLVHVQK CIVAHVPNPP YYIPLVELVP180
10 HPETAPTTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRLQY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240
DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300
NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

15 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTTITG CQILKCNQA EKEKVKISRL SAQVAGNRQP 60
RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHPTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

LNIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTPKA60
TSFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGAWSGW GTSSTSGM 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 5 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

20 TMFFTCGPNE AMVVSGFCRS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLTN VKSEKVYTRH 60
GVPISVTGIA QVKLSEPFPH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFPGTPR120
HLPPPPFFP 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- 25 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

40 DGDPMASVNL FTLDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAEPG DHHGLIWATS 60
EKHGSWSFR DAGGSPAGVS GRAGSRRDLG AGQGPLADQL SWELAPSRVP HPAAPRCC 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- 50 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

10 WPSGGPLTSP GQCGSQPPS SPATSDRRPP TSPCSAPGFL PVARVGVGKV WWGSHEVRGK 60
AEREGRALSE MLLPFQGGKG GGGKCLGVPG KDESTRGTSL QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

15 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

30 GRRTLFLATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHYSR LGLASQSTLC60
PACHCCKELL LCQPKQRKYG FSCIIFPFGW FVF 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

NLIYPNSSMY SDTFSEKARI IGAVLSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEIH IYSTPHWTLQ60
NACIFCPSAI CSLPFCLLKE LSNIVFPKMF STGH 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

20 GHHMHILDRF CTAQLEWVPV TWTGVQYTIC VQYRKPSAV ARELYSNSLS AQANQVRKTA60
IWLEDFQETA VPVGRYYLR GGRGTDIKQE GF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 25 (A) LÄNGE: 458 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

RGKRRRHRLP ALPPRLSPS AATMSASAVF ILDVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60
VHGE EEGALA PLLSHGQVHF LWIKHSNLYL VATT SKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120
LEESIRDNF VIVYELDEL MDFGFPQTTD SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180
45 SWRSEGIKYK KNEVFIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLKVFLSGM PELRLGLNDR240
VLFELTGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNDRTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKKQSV NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGSAKYVPE360
RNVVIWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEVEGRPPIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420
50 IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFRYQLG RGEEMGGF 458

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

15

LVTKVGNRPL WVNVAKPQGR ALVTTFLNDL HVSDLDPRDG EVGDLKLDPD GGPALHLFLF 60
HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHDVSLR HILGAAHTGL ESGGVGIAGY RHRYLHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

20

- (A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDLIL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60
GESASLGTGT DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRLENWFS MTDSIQISGL TWVLRRYDMS120
SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDLFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180
40 NTLSLMVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240
SSLLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- 45
- (A) LÄNGE: 275 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

MNTRLQVEHP VTEMITGTDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60
MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGD E VSVHYDPMIA KWVVWAADRQ AALTCLRYSL120
RQYNIVGLPT NIDFLNLNSG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLLSRKAAAK ESLCQAALGL180
ILKEKAMTDT FTLQAHDQFS PFSSSSGRRL NISYTRNMTL KDGKNNVAIA VTYNHDGSYS240
MQIEDKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYLS SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFVKAGDKV 60
KAGDSLMVMI AMKMEHTIKS PKDGTVKKVF YREGAQANRH TPLVEFEFEEEE SDKRESE 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYGY IVFTIFKSHV 60
SGIRDIQSSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLLDETQG CLA 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 5 (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

20 ADKMFLPLP AAGRNVVRRLL AVRRFGSRSL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60
NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSVV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120
KENIRAAVAA GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AQAAAEGAVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180
YGS GDQEA WQ KGVLFASGQE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

LPILKIFSNN FGKIWLASIS IGWRLPSNWR AQVLAQKQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60
SFFALGHRIH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESA CTPLQQQL 108

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

10 CFLCLHASFP VRRFQLPFCR GQLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KSLSAFQLTI60
YQNSLLHL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

15 (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35 QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180
LLFSLWL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60
RLPGARAGPS QEVLPF 76

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

TGLCNISSLS ACTSSLKVAD MRKALLKSGG KVTRGRLEL FFKAKGKKEG QLRPPPKAPG 60
SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

CHARLNTDSS RLAMKLLMVL MLAALLHGY AD SGCKLLED MVEKTINSDI SIPEYKELLQ 60
EFIDSDAAAE AMGKFKQCFL NQSHRTLKNF GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108
45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

LVEETLLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAAR ICIAVQEEGR60
QHEDHQQLHG EAAAVCVQSC VA 82

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

LLFILHQMLS YTVCIISPKF FRVLCDWLRK HCLNFPIASA AASLSMNS

48

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

QAVGEKLSSR DSDLMEDRCF PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVFS

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- 5 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

20 IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLQP SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

40 WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTF LGEKEKWGKQ RSSIRSESLL60
ESFSPTA 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- 45 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSMYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCTRTHTHS60
LSTR 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPAKNR EVAGLKTLSV TFQFLKHHCY LLKVVGLCIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60
ARAHATHTH SQLV 74

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTFLFDYNEE MKMGGYLKIG IPSALKVSKL LTCEQHRTPL LWSSFQLRML60
QFSKSIYYS 69

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

20

QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVDN RVSVARMAQ 60
KMSFGFYKYS NMEFVRMKGP QKGHAEMAV SRVSTGDTAP CGTEEDSSPA SPMHERVTSF120
SRPPTPERNN RPAFFSPSLK RKVPRNRIAE MKKSHSANDS EEFFREDDGG ADLHNATNLR180
SRSLSGTGRS LVGSWLKLNK ADGNFLLYAH LTYVTLP LHR ILTDILEVRQ KPILMT 236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

25

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCNPQA VSVVPGHRTV PGRVLAEAEQ SRWKLP SLCT 60
LNLRHVAAAAS DFNHRHPGSSA EAHPPDLAAC GACAEPRPGP ALGVLP SAYL STATGVCDGT120
PVLEPQPGEA TRLPGGPPTA RTPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

50

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGCIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60
LSDPVPGLHP LEGWGEEGRP VVPFWGGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLFSP GGCVTCRHS120
DRHLGVALAL GALHAHKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLLERLV ADGALKDDPL180
ERVGFVTSHQ LHTDHLSPFT VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

YPQDPPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEEAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60
35 EFLCMRHISS CLYAEVPFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPVHWG120
GRRHPGTEGS LQR 133

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

5 RLPSVPGCLR PPQTCGRCPP PFCLGARSPP TALAHDVHGL GPLSPVHQPI ERMKGTSAYR60
HDEICLMHKN S 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

25 RGLQHTDMMK YASCIKIDN MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHSIPT QERFSPQDTA60
PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PLLLTVDAAAT HSMQH 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- 30 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

45 QKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLVLHNNF LSLSSLLRNE VTDGIVGPQ PIDFVPNALR 60
HAVDGRQEEI PVVIAASEDR LGGAIAAINS IQHNTRSNVI FYIVTLNNTA DHLRSWLNSD120
SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDV180
50 ICGRWDFLPF TLQQ 194

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RFHGFPLVRI LLYFSFQKER VKIDNEVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVENHIGASV 60
VLNAVYSCNG PPKPVFRCSD DHRNLLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

NLAKVKGEMD SPWGSSEFTF PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRSA VLLRVTM 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

5 LPAATNRLKR GKGSSSTGSSS GNHGGSGGGN GHKPGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGV 60
SNMREISKEG NRLLGGSGDN YRGQGSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDTFWKNF120
KSKLGFINWD AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTF FLNWKAIIEG ADASSLQKRA180
10 GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GSHLLPRLP GCNLGLLAVG 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

30 TRTRSRPPAP EPSSTSADSG RISNRTLLSS TGKQLLRVRT RHHCRNVQAE PSQNYNYNQH 60
AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFPFA TWACLQLGEV LVRQFLATNH RRPRKKHWVR120
QGKLLPPLGP PALWQAPGPG L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEEVEEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETQ LGFKILPESV 60
KVKHPRRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120
ALNPRFPAPA GFIPWLFTPG FMSISSAAPT VVAGGGAGAG SLPPL 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

20 ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTEIGW WKLTFLRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60
EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH VKVNSNGRFX EKKKVRATLA ENPNLFDDHE120
EGRSSK 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 25 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

YVLNTIIVGK GEEKIPHPLP RFGPCSFPLR VCDLPSAKVM AKTGTNRPNY HQSLLQHPN 60
RVPGSSVPSA PEGKVPGLL PVLGGELKFS VSASGSTETS PYHVASGKCA LLRIGPGSSH120
R 121

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

10

TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNSHFLPAG INWPHSFSYG QRGQRGKVL60
QIWLMAQSQE VLAPSSALHF DDRPSS 86

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

GSGSPAPRKL HDFALCSAPL CPLFPRETSR SHIFLTDFEA VCLHSDWEHW DHFHHADSGG60
NGCIPFHDPT CVY 73

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

FVAMCSKQAS LNHGLLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRHDENDP SVPNQANRQ 60
LQNQSRKCGI WKSLLERGGR GELSRGRNRA VYAE LGTPSL RARGGR 106

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

VLRWYSSDPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSFKISQE NVGSGSLSWK60
EGAEGS 66

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGR TQSRSRRAA HSRCCVAFPS SFTPRSRRRP 60
45 KRRRRRREND PAASSLPPAH LPCSVSQSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLLQ REGRGLPRGG VRLVLTAAE PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGGQ 60
SGGDGGGARTT RRPVLFLLRT CPARSVSRRP APGLCSDLAL AAPRPSGRS 109

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAATAKAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL GQSVGGRRPA 60
CAQTSRLRRP GPAAVASVWP ENLGAPAAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120
35 WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

40 (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEPPGP GRRLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMLGGRV LLVLMFMTLL 60
HFDASFESIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTLVVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120
5 FLKYDFFQTM SVIGGLLLVV ALPGGVSMDEKKKEW 156

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

25 LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSNGSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60
SLGKGTDLVR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

30 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

45 SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60
PRSLVVPYDS PHQMTLAKSR FLCGQGWLAD WWKVGWTKGG HVSSQHQFCT SSASVLVGVP120
VSPGPGWARA 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

15 GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60
LQGFQILCDL HDGFSGVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLNNTA120
FGLVHLTAHS SLVCPLSLGG SLGLRPEPPV SFPYLHYDAT LPPHCSAILA TALDTVTVPY180
RLCSPVSMV HLA DMLSFCG KKVVTAGAI I PFPLAPGQSL PDSLMQFGGA TPWTPLCACG240
EPSGTRCFAQ SVVLRGYRQS MPHKPQT 267

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

40 QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDDRCF S GPPHDGRDQV AGPRLLFPAL 60
NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRNAA CPPALPGTWV PLGHFPLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHHLF PTEAQHVSQM 60
NHGNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQGQGADKR120
AVSSQVHETK SCV 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

15 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

30 PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

35 (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60
DSELQREGVS HYRLFPAKALG QLISKYSLRE LHLSFTQGFW RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120
WFQDTVTDVD KSWKELSNVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180

VLPREVVCTE NLTPWKKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240
SWELRQTLVS VFDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESRYVVDI TTYNQDNETL300
EVHPPPTTTY QDVILGTRKT YAIYDLDTA MINNSRNLNI QLKWKRPEN EAPPVPFLHA360
QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTPWYLR LLHPLPACPG PAATPPPGDA420
5 DSAAGQ 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

- 10 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

25 SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLMLWINL GRSSVMSSQG 60
SSAPLSTSSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPRSSCPVV120
PRQASLCC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

- 30 (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRRLNT QHWRPGSRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60
IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKHGEE GVEAEKKAIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120
KFVDTDIWNQ YLEYQQSLLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIIQ SPPIDYFDVF180
50 KESKEQNFGY SQESIILACT HLQQLIRTIE DLDENQLKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240
GESSSQNTNV LNSLEDLKPFI ILLNDMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300
TDLILADFLI SSELATEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHK WMSKCGADWE360
EYIKMGKVVY HNHIFWTLPH EYCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKLTGDRKWE420
FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWWTG KYGIFQYDGP480
55 L 481

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- 5 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

20 FHSIVSTNFS TKGINGLSVC NSFRNLERRE IAFSSASTPS SPCFSKNSLL CRCNVSITLV 60
KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCWV FNRRRNREIG ICKSPPCPDC120
RPGPPVSC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- 25 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPGA VPLAQADQP EFQLLMFLWY RVVQDGSSE60
PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- 50 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

10

FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLWWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60
IEAHEQGKDI DLNKVTKTKTA AKYGLSAQPR LVDIIAAVPP QYRKVLM PKL KAKPIRTASG120
IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGYEQPP 168

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

GGTAAMISTR RGWAERP YLA AVL VFTLFRS MSFPCSWASI SCLITSPIVS IISSAGLRSP60
FRFCLISAPP 70

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLVG F NQLFNNISYS QHHQLSRAEI SFPLLPHFCA AVAEPPEIKM QPQTQTTEKA60
DSHKTIPPVV K 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

5

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWWISL LAVPPQYRKV LMPKLKAKPI RTASGIAVVA VMCKPHRC PH 60
ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSLT LGY EPTSMRSYSV PDMDPPFYRT RTPD 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

25

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRGWAE RPYLAÄVLVF TLFRSMSFPC SWASISCLIT 60
SPIVSISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120
PCTDEDR 127

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PHTTNPTCFK LFLIRPCPV RKRVIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNQ NQVPPRAVYT60
YISCKTDVWT SVGFAHSHD SNPTSSSDGF RL 92

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

DLSRPGGTRF VLTIQQTFFS KVFVQDNFKN NIKINNGFDF SLKIEKKGVG GGVNHWPFFF60
WRGPIGIVRP WGSGLS 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

RTFVLFYHRL TLQLLINTSF GDVWCKTHKH TQKSTSPLHD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60
IHRGFRGTQI TAGFQFFFN TFLWSVPTAL SVLLKLE 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ILHLEMYGVK HTNTHKKAQA RCMTRLSEFLG LFLLRPAPSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFNF60
FLTIHFCGQF QQHCPYF 77
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

45 ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA 28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNYFNLL GFIHLIILKF HQQWGTEK

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

15

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGKSCL HPIQRIQWC

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

35

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

20 AMKVLSFLLC IRISFLFVVE SIVRGISKLN EVN 33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 25 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

40 AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAAQRISLN FSQKWLLT 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

FTSFNLLIPR TILSTTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

10

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRAVC SLFWYVHFKK60
TPLSSLANQE Y 71

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

RFYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60
FRVYPVE 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

15

KNLEFFSPST SYLLLQNSSE GFYILSYPE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

20 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

35

TPNSRGAGRV VRGSARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60
NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRFGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120
LLMGGQQTIIY SCSSLTGFAS 140

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

(A) LÄNGE: 279 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

5 QSRSRPRREG VGTGSRAVLC ILATCGSKMS DIGDWERSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60
LISPAYLFLW PEAFLYRFQI WRPITATFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120
GRPADYLFML LFNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMSVLYV WAQLNRDMIV SFWFGTRFKA180
CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240
10 RRGVSGFGV PPASMRRAAD QNGGGGRHNW GQGFRLGDQ 279

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

30 IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEEVGR ADEAEFADQG HGDGGGGEPIA 60
RDRRDAPEPV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTTRPA PRL LGV 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

- (A) LÄNGE: 207 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

50 LEPLEPNRLE LKKGYLTLSD SGDKVAVEWD KDHGVLESHL AEKGRGMELS DLIVFNGKLY 60
SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTV EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTGT120
DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNYNA LRAAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWFFL180
PRRASQERYE EGRRAQGRQ PAAERLP 207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
5 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RWWATRAAWT TRTGCPTTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60
RKDDERKGAN LLLSASPDFG DIAVSHVGAV VPTHGFSSFK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120
RVASYIMAFT LDGRFLLPET KIGSVKYEGI EFI 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

25

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VGTTAPTWLT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTPAGRLMD 60
EVTWRLDAGS SPQGVVVGHP VLVVHAALVA HHLHPLRVLV HHITRSGRPL LAQAAHVQTL120
VLHCQPFGLA AFLHGAVAVG QNHGPHGFAA FDLVDDPRPV IHGVEFPIEN NQVG 174

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60
S 61

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

NTMAVAARKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120
35 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60
RSFLKVFNEFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
YVAIIVIW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- 10 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

25 SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYPK 60
ETAHWKPPPW NDVDPPKDTI VKNITLNEGP QHPAAHGVLRL LVMELSGEMV RKCDPHIGLL120
HRGTEKLEIY KTYLQALPYF DRLDYVSMMC NEQAYSLAVE KLLNIRPPPR AQWIRVLFGE180
ITRLLNHIMA VTTHALDLGA MTPFFWLFEE REKMFEFYER VSGARMHAAY IRPGGVHQDL240
PLGLMDDIYQ FSKNFSLRLD ELEELLTNNR IWRNRTIDIG VVTAEALNY GFSGVMLRGS300
30 GIQWDLRKTO PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRVEE MRQSLRIIAQ CLNKMPPGEI360
KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVYLVSDGS420
SRPYRCKIKA PGFAHLAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVDOR 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- 35 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

50 QPSVHEHTHT HTHHTHTQTR PISSEEQAPQ KKLIGRGDOT LLPCSPIYFS KYNILGTYDG 60
NDICQHVSLR HLVQTSQMGK TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGSING SICGSWRNLV120
ALSIQLKVMN Q 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- 5 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

20 SQDTMRCWVL GPKVQGNVLH NCVLWRVHII PRWRLPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60
LPNTSAGLNR QSDSSPRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- 25 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

40 RRLRGGEPT DRRDPESRT PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60
RPTPAMLFRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHLQ120
SISNLNENQA SEEDELGEL RELGYPREED EEEEDAARL KS 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- 45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

10 VSLGRNLSAL PPLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60
RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVROPTLEN PENREQGFAL120
HNSTPQILSP GHRRTGQDP KIWGKEVLRT LRYR 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

30 AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRRIISTW RGSSWLGGAG 60
TENWIFLRSL GSMARGVGGG AGVRDSGSR RSVLGSPRR R 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

35

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPPL GARMSRFPA VAGRPRRQE EGRSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60
GGTPTFPIQ KQRKKIIQAV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKYLYEAGFS QHGMIGVTQP120
RKVAISVAQ RVAEEMKCTL GSKVGYQVRF DDCSSKETAI KY 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- 5 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

20 QIGGRARLHS GPGLCPGFPO SRAGRQGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60
EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- 25 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

40 IGKVGVPVPPS WDVHPFSSLS AMQTAESRSS WRSLDRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60
GGEHVHRSE 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- 45 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

10 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAW ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

15

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60
KRKGMSFPLF DKKQPMKSG AQERWVSHLE AFRTQL 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDL L L L LARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPG PLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

5

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFAS VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60
LHMFLQDEII DKSYPSPKIR HA 82

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

RASPCPHGGQ QRRRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60
45 NFLEIDVSNP QTVGVGRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRYSDFEW LRSELERESK120
VVVPPLPGKA FLRQFLLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

50

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
VIQVLRRLGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLPAVGT RARA 114

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

35 RRAQESPLGR QSHLPRIYQA FLMSATFNED VQALKELILH NPVTLKLQES QLPGPDQLQQ 60
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSLI FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120
LRSRCHIIISQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFHH180
VSAVLNFDLP PTPEAYIHRA GRTARANNPG IVLTFVLPTQ QFHLGKIEEL LSGENRGPI1240
LPYQFRMEEI EGFYRRCRDA MRSVTKQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLKTY FEDNPRDLQL300
LRHDLPLHPA VVKPHLGHVP DYLVPPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360
KHKGKKFRPT AKPS 374

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

(A) LÄNGE: 224 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

5 QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIIQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180
10 LLFSFGFEEE LKSLLEWGRV TCPGFTRLFS CQLLLTRTYK HSRG 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

- 15 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

30 FFFFFFFFEG AAKIFILLSR GKMPAWKCG AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60
PVLHNVLSR EAQQPQEGLA VGLNFFPLCL KLRSGFWDFA LLAFLQEEDS FFRFL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

- 35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

50 YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLSPALMT LRKEDVIQK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60
TGS LAP 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

FRSCLFMLTG LLFIRQDVLV PWHLKGNPDK GKPVEPFPGPI GSQDPSPVFH RYYHVFREGE60
LEGACRTVSD VRILQSYDQ GNWCVILQKA 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHVV TMKHRTWVLG SYGTKWLNRF60
AFIRISLKVP GNQYILTNNK KSC 83

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ERRSKSREER EKEREREREE RERKRRREEE EREKERARDR ERRKRSRSRS RHSSRTSDRR 60
CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDRRRSRSHD RSEKHSRSRS RDRRRSKSRD RKSYPKHSKS120
RDREQDRKSK EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEG180
DTQSN 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

YHEPSIQCLC LHS AFLDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSCA YMTFDPGFLI 60
FFDPDFEICV FFLIDHGFCF FVDLYFCSAF FLYFVTFCGP ETCCIFCLMF GLSVYFVND120
SFFFLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSSLCS CFSELRSSR IRLFGSSP 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VSPSOLMSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDFTL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60

SRLLLCLYD FRSRLFDLLR SRLRDLCLFS DRSWLLLLRR SLALLRLLSL LRDLLWSRDL120
LHLLSDVRLE CLLRERLLFL LSLSRALSFS LSSSSLRLFL SLSSLSLRS FSLSSLLLLL180
LS 182

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

25 GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VPVPPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKESP LLTQETQTQL60
LQQFHRNGTD LLDMMQMHAS TAAPLWGA 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

45 PRRSRHSLPR RHKHSSCNNS IGMGQTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGS DNC ISPGRCKWIK60
H 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

STCIFLARCS CRTHQAPHSG AAVAEACICM SSRSVPFRWN CCRSCVCVSW VRSGDSFSVR60
KN 62

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

VCPIPMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLGQEKI MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

40 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60
EEQ 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

KGWRSDFTVG GRQRDQGHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120
LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKEP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFQA 249

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

15 ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHYHYH IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60
GKVPKIV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

20

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

RIFITTIFMA QKEMKYEHQK KLNLSLIL KFLCLKKGRY LRLS

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

40

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNNFSSTVC VLVVPL

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

GRWRRRLRHG RGSAAEAVGPT AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60
KAEGFMDADI PLELVFHLPV NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CVTVKEKLE QAESLLSEPM120
VHELVLWIIQ NLRHILSQPE TSGSGSEKCTF STSTMDGDL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180
EKWASDLRLT GRLMFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSSSEN LQSRCGLKWK EMQREND 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

YLILLQGDNR NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KKCKEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60
YSALDELQKE FETAGLKKLF SEFVLALVK 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

15

PLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTRAS TNSEKSFSLSP AVSNSFCNSS NAEYSLTSNA60
RNLLCSVCTF VSNSTLIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

RAGLFPGRRV GLEAENGPCQ HQHGDFVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSGG60
GVLLPHHRRN NL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

GRACFRGGAW GLRPTALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60
VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH QRPVAFLAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120
LGFIILDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFMARVF MRMKLPGYLM G 171

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

EAGCKSFHNI LSIYSVGQES YWPLMPMFIS HRTDTWRFNN NIINYSSGDE EVRHHHQSIIH60
SHGRRHVQPG RLLQLQVGTF EH 82

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPVI FKQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60
TLISTPDLVF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY SYW 103

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

ESKNKVGAD ECVIIYHQHC IGFQFRKDLE SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

20

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

SGNCCQTEKA KTRSGVLM SV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGPRE60
FHNSSGAFSP ILFHTTITL

79

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

5 GTLRHSVHV V PPKHGHHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQEF QKHIHVATPA TSGILCSDKL60
HGWEVFFLAR 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- 10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

25 HLIPFMAKSS FRVGTQTFC ACCSPKAWSS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60
YPSNKRHPVL R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- 30 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

45 SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKPQRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

- 50 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

15 GLPARRPQCF LRAEMANSG LLLGFSMALL GWVGLVACTA IPQWQMSSYA GDNIITAQAM 60
YKGLWMDCVT QSTGMMSCM YDSVLALSAA LQATRALMVV SLVLGFLAMF VATMGMKCTR120
CGGDDKVKKA RIAMGGGIIF IVAGLAALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYEFGPAIF180
IGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

20

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

QHHHGPGHVQ GAVDGLRHAE HGDDELQNV R LGARPVRLA GHSSPNGGLP GAGLPGHVCG 60
HDGHEVHALW GRRQSEEGPY SHGWRHNFHR GRSCRLGSL L LVWPSDCHRL L 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

5 CCHPHRSSSA TAGWRCRPPD PPSPAGPWRS PATAGPNWPF PPSSENTGGAG RGDPTVKQTT 60
LGGQPHKRKL EVEFSGHPKR QKGFGPGECK SCHQTTHKST PPVKRWPRGT GSRIIRREGGS120
RQNWWSPKAR RFPPGALGDP LSPPASRLLT GVGP 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

10

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

NLTQVTFLEFF CPPNVHASYSR LHFEALMNIP VLVLDVNDDF AEEVTKQEDL MREVGRTLTP60
VELVVSLLWLY LL 72

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

SPSHLSHEVF LFGYFLSKII IDIQHQHWNV HQSLKVEPIR SVNVGTEKK KCNLSQVSHT60
RQVLLREQI 69

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

15 KRYNQRETTT RTGVKVLPTS LMRSSCLVTS SAKSSLTSNT STGMFIRASK WSL 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

35 SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPRQGRA TGRGESESAE 60
LVPHSGQGRA ADQRQDLWS GRVDLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

5 TRNGSVFGCY RPHRFPAKGS VSLVYSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60
WKRTNGQDFL LLLLKTLMVK RKDWGQPGSS GPTSKFPLQV ILCQALFKK 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

- 10 (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

25 GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAGKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGGLCP RRAPAGPWHQ 60
GPORPVKDEP QDGENPNPPN WSRTVVRDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120
GATNAGKSTL FNTLLESDYC TAKGSEIDR ATISWPFGTT LNLLKFPICN PTPYRMFKRH180
30 QRLKKDSTQA EEDLSEQEQN QLNVLKKHGY VVGRVGRFTL YSEEQKDNIP FEFDADSLAF240
DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVKDAHWF YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300
VPRTFVLKPG MVLFLGAIGR IDFLQGNQSA WFTTVASNIL PVHITSLDRA DALYQKHAGH360
TLLQIPMGSK ERMGRISSEC C 381

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

QPSTTCTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60
LEGLPPSWYK VFDPSGLPY YWNADTDLVS WLSPHDPNSV VTKSAKKLRS SNADAEKLD120
55 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180

EG

182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

5

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRE ASSNIWSLNQ RKRSLEPTMT 60
MILWTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTPW LPNRPRSSEA120
VMQMLKKS WT GAMTSRTGAM TSRTAAMRN 149

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

PRSRSLSDLS WPRSDLSWPL SSFSWLRS DL SWPLSDLSWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60
TTELGSCGES QDTRSVSAFQ 80

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEFSLRYDAV LRGPMDSDDS HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60
ERDILSNGQQ VLVCSQEGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVAAF120
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTSDMIAEV GAAFSKLFET 160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDPFI THTLSPVQGA CLLVCAGSG FKELAEGGPH 60
LGDHVGGGGG ATVLLEGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120
EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVAQG LAES 164

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

40

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

5 KSGKHRTPSA HAWVRIFPSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLKKAPTS AIMSEVVVER 60
PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGLDPFV FCGPARSAQC TRTPREPDRR SPCPPHLRL120
PSWLHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDPWLS SLSIGPLSTA SYSLLNSTWL180
GVSTAFR 187

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

LFLFTNHNS GKPGCKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK

40

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

QAEDKSETGL MRITGKLALA PPENELFHSL ADHP

34

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

15

NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLLSSACYRE MALLITDP

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

35

RQLFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLYSLAWAG APLLGWNRYYI 60
LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLFLGC LVPPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120
QFK 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTRTRL HCGLEIQGCQ 60
RFLCAFLIS WLPGGAPGCH SPLLPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120
F 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSRARCR 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15

FCTTLWPSGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSSN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI60
FSQGSNGL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

20

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VLSLHSSPLA KTGLNMKSPA60
PRPQ 64

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRILP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

10

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

YEIQSLPFPS FSSAKLSLLW HVPFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60
NGLWYVMQVV SQLLDPRTSE FTAAEFVGRIV STLISKAGRE LGENDQILR AILSKMQQAE120
30 TLSVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYGGYEGK180
VSSVALCKLL QHGINADDER LQDIRVKGEE IYSMDGERT RSKSAKNPER WTNIPLLVKI240
LKLIINELSN VMGG 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

- 35 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

50

SLSGPNANEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60
AQCTLHTDDN AISAEWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

- 5 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

20 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMTLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRILP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFFPAVAQ CTLHTDDNAT180
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGRLCFH240
PHLQGRAGTR GESRPDFFVP SFS 263

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

45 TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGSLTHRP ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60
PQQGKLGR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGR L CISYYCCQDI NGCRTKPCR N60
LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

TRSSSPQTIT FDACVVIPCG DLQSQQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60
SWNEVVWTT E YQGWTSSSTGG CMSLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTD PK120
35 PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

40 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

DVPLLFRLLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

5

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

SECMVLRTYN HRLTRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSL S

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

25

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRAACTC GVPSPSPAPP60
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVPFP

97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

45

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

10 GKGTMRSVLI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFGGA GELGQTPQVQ AALSVSQENP 60
EMEGPERDQL VIPDGQEEEQ EAAGEGRNQQ KLRGEDDYNM DENEAESETD KQAALAGNDR120
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

15

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLAGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPVCNSRCHL60
QLKHSSYVMS LVTKVKLSPH EKAT 84

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRYWGSHSWG HSEATRNAS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- 5 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 TPRNLFHFSK LTQFHCVNTV SLGSTKHPIT QFCFIVWTPS RLQGHGQEV CEEVCGFLVL 60
ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- 25 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 VAPAVGSPVS QAPQRQGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLPKK60
I 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

- 45 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

10 CNCAPSLPDF SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEEA TRNPRPLLLK FTASVVVPDS60
SPAPGTTSTW GGAF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

15 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

30 ATVHPACQIF PHYTPSVAYP WSPEAHPLIC GPPGLDKRLL PETPGPCYSN SQPVWLCLTP 60
RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AEGRPCPYPH CQVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

35 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

50 DRRSHGLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIH 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

ERLSHCRLSV MLALISLCTP CTHAFSPVFY QASVSCITLK CDH

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

WIKRILIHIF KLLSREVVQ QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSLSFMY60
YTKM

64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNILSITL60
AYCYYYISSI YRQKGHF 77

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC 48

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIVTV CKSDTQNV 48

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

EQRLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSEPGSDSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

MCDFIRGICQ FSHCGSFSD F ACSSSKEARS FADFTIPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60
NLC 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFLQ60
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

LG DHIYNWDV NHFFSGIRAQ RHN LQGHIIY YEHFTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKSI60
YVG 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60
ESFRRLHKYV LTCPMLG NR KIIVIDKT 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

15 LTVVYTVFYA LLFVFIYVQL WLVLRYRHKR LSYQSVFLFL CLFWASRRTV LFSFYFKDFV 60
AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTTLTMNL YFTQVIFKAK SKYSPELLKY RLPLYLASLF120
ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIVSVR VAINDTLFLV CAVSLSICLY KISKMSLANI180
20 YLESGSSVC QVTAIGVTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNK SVHSFDYDWY NVSDQADLKN240
QLGDAGYVLF GVVLFVWELL PTTLVVYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

25 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

40 HRRLHRVLRA ALRVHLRAAL AGAALPPQAA QLPERLPLSL PLLGLPADRP LLLLLQRLRG 60
GQFAQPLRLL AALLLPCVPA VFHPHADELV LHAGDFQSQV KIFSRITQIP VAPLPGLPLH120
QPCFPVGEFN LCCAGKDGKL GEEGYRLCAS GH 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

45 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

10 LGFENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

15 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

30 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRITSEFT AAFVGAFVST240
35 LISKAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

40 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGR L CISYYCCQDI NGCRTKPCR N60

LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ

97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

- 5 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

20

PPAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEMRVE TKAPTKAAVN SEVRGSRSWL TTCITYHSPL60
WPCSSCHWAT CSRVTDT 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

25

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

40

IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRKRSIFYR GGFILDQKNK60
KN 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

45

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

10 DLIYNYCYCP SDLSFSAIDV IAISRSSHNV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPPNTYTYT60
SRIAK 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

30 LDSLPFHVVF PDPHPSEWLF TRIRHLRSWG QCYYPVGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60
KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLV L HVS IKLVIP WPPPGENQPH60

PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

- 5 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

20 RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

- 25 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

40 TLNPHKTLA KKARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

- 45 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

10 YSFFFLYQN NHLPLFFLER EEESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPLMSA ASVHRPQVKE60
RMRSSWTS 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

15 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

30 KPSIHFFESC TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SFTTHVGVHS CQQPPCTGPR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

35 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

50 DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

- 5 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

VLGSSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP

52

- 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- 25 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

YRYVFPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

- 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- 45 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

5

VTCLSLYVET NFTMITDLCN ISSLNFTIL KCLLGKLTPE CSKGALHLLK PWGHTSSVAS60
EGQILWVVD NEVLTYVIL 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

SMPFQFGTQP RRFPVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPP SHCLTITDVP60
VTVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

15

GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNVVKES PDVIISGCHR60
NI 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

20

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

REHQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLPLETS LAGFQIEKAY 60
FTENQKRLSL IPVEVNKSM L STGLSTEGWN CQRNDDQMR 100

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

5 NSHLNVTLLI IMLIFSISYR NQSLKLHRG LKNVYHSIFI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- 10 (A) LÄNGE:31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

25 GGIGYKGRYL NSSNNGYNPF FHNHLGCFKA I

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

- 30 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

45 TLIPIRDAKN QHNYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNKKI KYKAFKNLTH HLK

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

- 50 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHHPKWLW KKGLYPLFEL FRYLPLYPIP P

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

15

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

CNIFQWGPSE HTCWTVQTIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTLSN GKLASNFFKY60
SIFFSPLVVT GFYRSSYTVC FNSGP 85

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN TfvSEETQFW RGICSLYLKS60

KLSLMVNWLL IFLSTVFFFP L

81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

- 5 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

20

YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVFRTSC PTWLPGAQGF60
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVR SMRLS 95

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERP60
ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 81

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
50 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

10

SRWNDSPHLL ISPLTSLKLL SSSKSHCQLP YVVLGPPEPW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60
TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVGPHGPA WTLG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

15

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRCACSSPG SMLAHVGPLC PQRSRNAHDQ PRVHAGPCRP LCPLRSRNAL60
VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGSLM S 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

(A) LÄNGE: 456 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNNDDYFADV SPLRATSPSK SVAHGQAPEM 60

5 PLVKKKKKKK KGVSTLCEEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNKKSPL120
AMSHASGVKT SPDPHQGEEE TRVGKKLKKH KKEKKGAQDP TAFSVQDPWF CEAREARDVG180
DTCSVGKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGHSP SRSMESSPRK240
GSKKKPVKVE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQPM EEPALKRKKK KERESGVAGD300
PWKEETDIDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW360
DTAGFENEDQ KLFKFLRLMG FKNLSPSFSR PASTIARPNM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR420
AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

VRVCFLPRV SCYPTLSLLL FLPFQSWLLD DWLLYLLFGL HFLCGGLRV ITYGDVFRSL 60
NFDWLLFTSF PRAALHGPGG LGVAWEGISL LVDFFFLLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120
30 ILLPH 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

- (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

50 SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGSPL120
TPLSLSTFFF LFRAGSSMTG CSTFFLDFIF FFAEALGSSL MGYSGASTL TGFFLLPFLG180
LLSMDLEGL WPGRASPSWW IFFFFFTFPL CSLGLFRFRF CPKACSSSF FPTEQVSPTS240
LASLASQNG SWTEKAVGSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300
55 FLFFFSPLRN SKWPNTCFLR LGDFSVRLAG SVVSGSTCSS QRVLTPTFFF FFFFTRGISG360

ACPWATLLEG DVALKGETSA K

381

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- 5 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

20 DHHNKLSQLS QTYIILLSVN GEKISPYVLW VKCCNRLGLS NLP

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- 25 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

40 MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFINTNK RLVLSQFICH EPRNN

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

GKPKNCCDFF QGKLDNPNLL QHFTHKTYGL IFSPLTDSSI

40

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

GVGGGALRSA ALPWRTLPLT STCSRCTKPS TAEMEHLVQS WCLLNILMLQ THDFKWPLQR60
RSVNKSWNPL MMKCLQLI 78

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDSRDGASC AELVSFKHPPH VANPRLQMAS 60
PEEKCCQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120
LSCMQ 125

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

20 MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLSWVCN MRMFKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60
GNVRHGSAAE RRAPPPTFQA 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

40 RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRRWPE MCFRSLTHHS LHTRREHHSW60
SILRMEI 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

- 45 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

PITPYTHDVN TTPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPHTH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

RATSGRSGFI KPSNLKQGTG FGSWLLNVVS GCVGNDGRFV CEKLPHGIIQI SILRMLQEW60
SRRVCRE 67

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 451:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LVPVGREPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60
IFEEDTPSVM EIEMEELDKW MNSMNRNADF ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLSRLPQGL LLENMSAIQ V

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

20

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

FDSFSSFKVG KHSKSAFLFM LFIHLSSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

40

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

5 PITTCSLGDP GKDKYTCTHR GRERCVQRIC INILFSHPDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60
LFLYFLFRSF TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNSRSCSIS SRHGLLI 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:

10 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

25 RRGVSFLLSR QKWYHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLCCPK TRPGNCWGAK60
GIAPVPQASR VGR 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

30 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

45 SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMVTVISS60
RKDISKE 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

15 DQPSLPFIRH KTLNLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESLQSSN60
IESKEINGIH DESNAFESKA S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:

20 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

35 QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

40 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHV SGEPIILVAI LVRLRVLCRI NGREGW

36

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL

36

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLVIP WPPPGENQPH60
PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

10 RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

15 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

TLNPHKTLA KKA RVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDNSMH VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60

SMLFYNCDSP GSLGAI

76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

20

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- 25 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

40

HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWSLEG

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 45 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

IPLQRFSLLT SLFFVLKLDF LVVHASLSLV TVNNLTSSN Q

41

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKERKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWT A HSKLTRLAIC60
EYFSK 65

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTFP NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN

56

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

15

ARPAPAGREG RGEGEATSR R CGVGHRA GPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

20

- (A) LÄNGE: 399 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRREL PF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHTWSV KLDEHIIPLG180
40 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWF LD RALY WHFLTD TFTA YYRL LITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FSKSNKIVIP KKKGPVQ PAG360
GQKGPSGPSG PSTSSTSKSS SGSGETPPGK LRHPSFQFA 399

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

10 RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60
GDPASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

30 KYVSHANISI YKWRTLTLLL FSYKIPNEVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

35 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

50 WIFRVCCISR EIHFYILFYY KHLDKGHLTH FKKHKCI 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

PKGLSIKVRRL NLDTRRKRCR LLNFIIHHIH CQI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNILSITL60
AYCYYYISSI YRQKGHFRNI

80

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW 70

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

(A) LÄNGE: 400 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

50 PQQTPWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60
DLPRPLRSRE FPQFEPQRYF ACAQMLPPNL SPHAPWNYHY HCPGSPDHQV PYGHDYPRAA120
YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180
HQPPNRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPSP AAVPRPPSNP PARGTLKTSN LPEELRKVFI240
TYSMDTAMEV VKFVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIK WMERYLRDKT VMIIVAISP300
YKQDVEGAES QLDEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIKQSGSMNF RFIPVLFPNA KKEHVPTWLQ360

NTHVYSWPKN KKNILLRLLR EEEYVAPPRG PLPTLQVVPL

400

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

- 5 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

20

SSSGWRVARG SRHSSWGRRLL GNLWSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMWLVL VPWKPRKGAV 60
SLCGPLFLVP GAGIIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSR VMAIWHLVIG120
TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGE RSGEVLGVTH GGEGQGPFQL180
PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSVPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

45 KQRMQSSSHRL HFARVCGGL RGRALHNRFP GGQRASRGGT EKNQPGVLPT SLSQNAVRTR 60
PQTWPGLSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120
AHAPS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- 50 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

VAMTAKDCSI MIALSPCLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLCLKPY ESIPHQYKLD60
GKIVNYYSKT VRAKNAVMS TRFKESEDCT LVLHKV 96

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

LHCLPVCRRMP ALIKGLWSLH RGPGLFFPCL CWTLTSSPTR AFPISINWTA RSSTIIQRLY60
VPKTTT 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

NKAFRIRES D MSPGWERRTI QNVFPGLNGH FHFKSVSSFL GHSTHFLHSL SRKLFLVLFN 60
SMSPRGNPTS KGVKSKNIHN QRSPNTTENI SIIQPSHYVQ VSKTLQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

5

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

CSSIPCLQEA IPPQKGLKAK TFTTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60
CNLRFP 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

15 AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPPSSLR RAFRRRELPF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLTDTFTA YYRLLI THLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDP SKV FKS KNKIVIP KKKGPVQ PAG360
GQKGPSGPGS PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

40 RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVSFS RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

45 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

LAAGRGKEEE MGFEDHGLPF LPLTHHTPPF PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ QGFSPYQREM 60
WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEWVPF LQMDLLRRII VFHVFSQVT KINICIYNLY120
YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

15 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

30 GPWLTFFAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQRAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPPQ HDCGRPKDIP60
RFRL 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

5

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

RFTASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGVPVK AGSHFHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60
MTRGQLAQFP LFSWGEGL 79

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

KSSPDPARHY GSPPEGERRG KRSVPKVNPR SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60
MLGQNASPHL TKGLQPAGWE MNQILTPPPP CPAHLLGQYQ 100

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 494:

50

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFQNS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60
HGGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

35

RVSPQLNKG NWANWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA WGWEKWLPAP TGTGPEGGQG60
MEEGVLISSG FPTLLAVNL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

40

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

IQKVQYYTSP AAFVNGSLHS HWGTTVCMGR NSKCPHCGHW VGSAFCQGVC RNWLISVCQS60
DQHTKVSIAK NVASLHPPSC YSGPSNLM 88

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

- 10 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

25 SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWLRMRK SFLQWEEIHF SIPVQSDFMG60
PVLNSDCIIN TIKRDSEMGS RIHWDNSKAY NTALMDPT 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

30

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

AGYTPVSSSTI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGV LITLAYRNKPI PADSLTKGTP60
HPMTTMRALA VSAHAHSCTP MAV 83

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

15 GKICEYVNFL SLRDDRMFPY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60
VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

35 SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKKSS LTIVNSISYF60
SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTFL SNTFPFKF 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

VSSCTSNHGV RSSLSSGEHK CTERDVL RVT TKELPSLSLT QAMCTCDAE CAGVGGGHVA60
PPEHFLTGKL GDPLLNVFVE IRTVSFT 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

PSGPFSSLES TLLLQQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLNTAA RMGCLLPVCH60
GSINSLSSGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

VFIYDSLIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGSNSLGS KVGHSSMHR 59

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

DRKFWNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDERTG CGAVKYFRPR60
SVYTFYRRNE VL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHENCV LNLSDHITYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60
GNTSNAYPLL ACYAACTAI AVCFTVFVKI PLSPFLVTGK AC 102

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

30 NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGLLLSL VIVFRLEMP TLVINITKYN VFLGRHFIKC60
IMPWLLLR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

35 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMFNWDV CHSRAARQTF KSNSHTAELA FLLTQKFRKL60
TVTVT 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

20 GPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM FQPFNLTCLL LSFPPISSNL FCLTIYYLLG60
ITSSYRIPSS LMSCPQKY 78

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

SLKLLGFLDV ENTPCARHSI LYGSLGSVVA GFGHFLTSE YLYFLFLYVL KKAFLYIMNY60
FFF 63

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 50 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

SEVKWSPNLK LGNYEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG

53

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTTL HRAGAMHRHP SLP

43

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

QALQQIYRQT LTDTGQFSL RNFLVLSWVT ILQNFTT

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

5

- (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

TGGARRRPL SAVARPARSS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCWIL PLLLLSAIAF 60
DIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GGSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120
IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TFTLHANRAV180
25 TYIYNWAYGF GWAATIILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

30

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

45

DPLPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQRIM60
LTGGAGPSGA ERSSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

- (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15 TLPKNGFKVA WRNSFFFWSP SQQORFSPTF IPKLGRCEV PGLGIAQKVI FVVGEEAEEE 60
GTADQDNRCG PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQGDDLEHSS QGKETSNSQ120
EDKHLGSTEG EGEDETDHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFPP180
QRGRLAVVAR LQPAAAGQRD DVEGDGAE 208

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 PSCPPPEMKKE LPVDSCLPRS LELHPQKMDP KRQHIQLLSS LTECLTVDP L SASVWRQLYP 60
KHLSQSSLLL EHLSSWEQI PPKVQKSLQE TIQSLKLTNQ ELLRKGSSNN QDVVTCDMAC120
KGLLQQVQGP RLPWTRL LLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRS SGFLPASQQA180
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGVP 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

45

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

PEVMAQEAYS EDQQQQEEPR PGQPRTLNLL QQALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60
GLNGFLQRL L YLLGNLLPGA EQVLQKAGL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

15 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

GTPKRHFSPN QPVTLQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60
KTSSNRRSRV QGSRGP 76

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

40 (A) LÄNGE: 355 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

FRHSMNGCEK DSSSTDSANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGVGTGPNI KSVKDLQRCT 60

VSLTRYRVMI KEEVDSSVVK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120
AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHFV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180
EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG KQSNFSRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240
STADPSHQTM PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNRHEHR300
5 RQPHNGFRPK NKGGAQNQEA SLGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCRTPREGQ GPFRG 355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

- 10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 NQNVKNRGTO KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLFPSPGL 60
FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGF I PTALRLGRPI120

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

50 RAVRISMMASS LTLSISAINETSLSMQLCN SAKAALIFFT ELSTSSLIMT RYLVRETVQR 60
CKSFTDFSIF GPVTPRSAFE GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESDVDELSFSQ PFMLCR 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP 130

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

25

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGKPICPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET60
ISTINTRCVH LHLAPAAS 78

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

10 GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60
RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

35 SLNSTFSVLP QKFPQFQQHR AVYNSFSFPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60
LDLNLPPQHN TGLGGIPVAG EEEVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQOPTSLHTT VA 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

40 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

RFRPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAWATGFLH DSFMILLMY60
TPRRANINVP HA 72

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

25 RNHAKIQ LPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGRFKSKKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 531:

30

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1708 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 531

CCTGGAAACA AGATCCAAAC CCAAGTGACC CCGCCGGAAA GTGACCCAGT CAGGTTTAAA 60
AATCCAACA AACCGACGTG AACAAATAGA CCGACCAACC AAATATACAA TCCGTCAAAA 120

TACATTCACT TCCACTACGA AACCCCAACA AAGGGTGTGA ATGCCCGCCC AGGAGAGACG 180
 GTTTTGGTTT CATCAAGTGT GTGGATCGTG ATGTTCTGAT GTTCTTCCAC TTCAGTGAAA 240
 TTCTGGATGG GAACCAAGCTC CATATTGCAG ATGAAGTAGA GTTTACTGTG GTTCCTGATA 300
 TGCTCTCTGC TCAAAGAAAT CATGCTATTA GGATTAAAA ACTTCCCAAG GGCACGGTTT 360
 5 CATTTCATTC CCATTTCAGAT CACCGTTTTT TGGGCACGGT AGAAAAAGAA GCCACTTTTT 420
 CCAATCCTAA AACCACTAGC CCAAATAAAG GCAAAGAGAA GGAGGCTGAG GATGGCATT 480
 TTGCTTATGA TGA CTGTGGG GTGAACTGA CTATTGCTTT TCAAGCCAAG GATGTGGAAG 540
 GATCTACTTC TCCTCAAATA GGAGATAAGG TTGAATTTAG TATTAGTGAC AAACAGAGGC 600
 CTGGACAGCA GGTTGCAACT TGTGTGCGAC TTTTAGGTCG TAATTCTAAC TCCAAGAGGC 660
 10 TCTTGGGTTA TGTGGCAACT CTGAAGGATA ATTTTGGATT TATTGAAACA GCCAATCATG 720
 ATAAGGAAAT CTTTTTCCAT TACAGTGAGT TCTCTGGTGA TGTGATAGC CTGGAAGTGG 780
 GGGACATGGT CGAGTATAGC TTGTCCAAAG GCAAAGGCAA CAAAGTCAGT GCAGAAAAAG 840
 TGAACAAAAC ACACTCAGTG AATGGCATT 10 CTGAGGAAGC TGATCCCACC ATTTACTCTG 900
 GCAAAGTAAT TCGCCCCCTG AGGAGTGTTG ATCCAACACA GACTGAGTAC CAAGGAATGA 960
 15 TTGAGATTGT GGAGGAGGC GATATGAAAG GTGAGGTCTA TCCATTTGGC ATCGTTGGGA 1020
 TGGCCAACAA AGGGGATTGC CTGCAGAAAG GGGAGAGCGT CAAGTTCCAA TTGTGTGTCC 1080
 TGGGCCAAAA TGCACAAACT ATGGCTTACA ACATCACACC CCTGCGCAGG GCCACAGTGG 1140
 AATGTGTGAA AGATCAGTTT GGCTTCATTA ACTATGAAGT AGGAGATAGC AAGAAGCTCT 1200
 TTTTCCATGT GAAAGAAGTT CAGGATGGCA TTGAGCTACA GGCAGGAGAT GAGGTGGAGT 1260
 20 TCTCAGTGAT TCTTAATCAG CGCACTGGCA AGTGCAGCGC CTGTAATGTT TGGCGAGTCT 1320
 GTGAGGGCCC CAAGGCTGTT GCAGCTCCTC GACCTGATCG GTTGGTCAAT CGCTTGAAGA 1380
 ATATCACTCT GGATGATGCC AGTGCTCCTC GCCTAATGGT TCTTCGTCAG CCAAGGGGAC 1440
 CAGATAACTC AATGGGGTTT GGTGCAGAAA GAAAGATCCG TCAAGCTGGT GTCATTGACT 1500
 AACCACATCC ACAAAGCACA CCATTAATCC ACTATGATCA AGTTGGGGGG AATCTGGTGA 1560
 25 AGGGTTCTGA ATATCTCCCT CTTTCATCCCT CCCGAAATCT GGAATACTTA TTCTATTGAG 1620
 CTATTACACC AGTTTAAACA CCTTCCTCGT GTTATGTTTA AAAAAATAAA TAAATTTAAG 1680
 AAAACCATT TAAATAATGA AAAGTTGG 1708

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 532:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2128 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 532

CTGTATCCTA ATTTCTTGGT GAATGAAGTC ATTCTTAAAC AGAAGCAAAG ATTTGAGGAA 60
 AAGAGGTTCA AATTGGACCA CTCAGTGAGT AGCACCATG GCCACAGGTG GCAGATATTT 120
 55 CAAGATTGGT TGGGAAGTGA CCAAGATAAC CTTGATTTGG CCAATGTCAA TCTTATGTTG 180
 GAGTTACTAG TGCAGAAGAA GAAACAAGT GAAGCAGAA CACATGCAGC CCAACTACAG 240
 ATTCTTATGG AATTCTCTCA GGTGCAAGA AGAAATAAGA GAGAGCAACT GGAACAGATC 300
 CAGAAGGAGC TAAGTGTTTT GGAAGAGGAT ATTAAGAGAG TGAAGAGAA GAGTGGCTTA 360

```

TACTCTCCTG TCAGTGAGGA TAGCACAGTG CCTCAATTTG AAGCTCCTTC TCCATCACAC 420
AGTAGTATTA TTGATTCCAC AGAATACAGC CAACCTCCAG GTTTCAGTGG CAGTTCTCAG 480
ACAAAGAAAC AGCCTTGGTA TAATAGCAGC TTAGCATCAA GACGAAAACG ACTTACTGCT 540
CATTTTGAAG ACTTGGAGCA GTGTTACTTT TCTACAAGGA TGTCTCGTAT CTCAGATGAC 600
5 AGTCGAAGTG CAAGCCAGTT GGATGAATTT CAGGAATGCT TGTCCAAGTT TACTCGATAT 660
AATTCAGTAC GACCTTTAGC CACATTGTCA TATGCTAGTG ATCTCTATAA TGGTTCCAGT 720
ATAGTCTCTA GTATTGAATT TGACCGGGAT TGTGACTATT TTGCGATTGC TGGAGTTACA 780
AAGAAGATTA AAGTCTATGA ATATGACACT GTCATCCAGG ATGCAGTGGG TATTCAATAC 840
CCTGAGAATG AAATGACCTG CAATTCGAAA ATCAGCTGTA TCAGTTGGAG TAGTTACCAT 900
10 AAGAACCTGT TAGCTAGCAG TGATTATGAA GGCACCTGTTA TTTTATGGGA TGGATTCACA 960
GGACAGAGGT CAAAGGTCTA TCAGGAGCAT GAGAAGAGGT GTTGGAGTGT TGACTTTAAT1020
TTGATGGATC CTAAACTCTT GGCTTCAGGT TCTGATGATG CAAAAGTGAA GCTGTGGTCT1080
ACCAATCTAG ACAACTCAGT GGCAAGCATT GAGGCAAAGG CTAATGTGTG CTGTGTTAAA1140
TTCAGCCCCCT CTTCCAGATA CCATTTGGCT TTCGGCTGTG CAGATCACTG TGTCCACTAC1200
15 TATGATCTTC GTAACACTAA ACAGCCAATC ATGGTATTCA AAGGACACCG TAAAGCAGTC1260
TCTTATGCAA AGTTTGTGAG TGGTGAGGAA ATTGTCTCTG CCTCAACAGA CAGTCAGCTA1320
AAACTGTGGA ATGTAGGGAA ACCATACTGC CTACGTTCTT TCAAGGGTCA TATCAATGAA1380
AAAAACTTTG TAGGCCTGGC TTCCAATGGA GATTATATAG CTTGTGGAAG TGAAAATAAC1440
TCTCTCTACC TGTACTATAA AGGACTTTCT AAGACTTTGC TAACTTTTAA GTTTGATACA1500
20 GTCAAAAGTG TTCTCGACAA AGACCGAAAA GAAGATGATA CAAATGAATT TGTTAGTGCT1560
GTGTGCTGGA GGGCACTACC AGATGGGGAG TCCAATGTGC TGATTGCTGC TAACAGTCAG1620
GGTACAATTA AGGTGCTAGA ATTGGTATGA AGGGTTAACT CAAGTCAAAT TGTACTTGAT1680
CCTGCTGAAA TACATCTGCA GCTGACAATG AGAGAAGAAA CAGAAAATGT CATGTGATGT1740
CTCTCCCCAA AGTCATCATG GGTTTTGGAT TTGTTTGGAA TATTTTTCCT TTTTTCCTT1800
25 TTCCCTCCTT TATGACCTTT GGGACATTGG GAATACCCAG CCAACTCTCC ACCATCAATG1860
TAACTCCATG GACATTGCTG CTCTTGGTGG TGTATTCTAA TTTTGTGAT AGGGAAACAA1920
ATTCTTTTGA ATAAAAATAA ATAACAAAC AATAAAAGTT TATTGAGCCA CAAAAAAA1980
AAAAAAGAAA AAAAAAAGAA ACAAAAGAGA AAACAAAGGT TACGAAGTAG CATATGTGAA2040
CTATAATGTA ACAGTGAATA ATTTGTAAAG TTCGTATTTC CCAACCTCTT TGGGAATTAC2100
30 ACATATCAAT ATAAACAAA TATAAAGT 2128

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 533:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 533
- 55 CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
 CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA ACACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
 CCTGGAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180

GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTT 240
AAACTTGTCA GTCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCCAGC ACACCCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTTCT CCCTGCTTCT CTTCTGTCAC 420
5 CCCCCTCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAAACT AAAGCACCAG CATTGGAAGA AAAAGGCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
10 ACCAGATCCA GGTTCCTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
CTAGGTTAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT1020
15 TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGAAGAAC ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
CGATGGCCTG GCACCAAGTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAAACTC1260
TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCCTACAAC1320
20 CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAACCTTCAA GAAAGGATAA AGATTAAC1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATAACAAT ATGGGCAATG GTCTTTTCA1440
GGAAAGGGGA AACAACTTCA ATCAGATCAG TCCCATTCGG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGACTCCTTG1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC1620
25 CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA1920
30 GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCTCTCA1980
TGAAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACCTG GAGATGGGAC2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAACATAAGAA GCATTTGCAA2220
35 ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTTATTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCCAAAAGC2340
TGGGGAAAAC AAATGTGTAA CTTTTCCAGT TACTTGACAC GATTGAGTGG GGGAAAACCA2400
GCATTTTTTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAAGTGG CATTGTAATT TTGATGATAC2520
40 AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CTTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA2640

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 534:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1245 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 534

10 TGCAGCGCGT GCGTGCTGCG CTA CTGAGCA GCGCCATGGA GGACTCTGAA GCACTGGGCT 60
TCGAACACAT GGGCCTCGAT CCCCGGCTCC TTCAGGCTGT CACCGATCTG GGCTGGTCCG 120
GACCTACGCT GATCCAGGAG AAGGCCATCC CACTGGCCCT AGAAGGGAAG GACCTCCTGG 180
CTCGGGCCCG CACGGGCTCC GGGAAAGACGG CCGCTTATGC TATTCCGATG CTGCAGCTGT 240
TGCTCCATAG GAAGGCGACA GGTCCGGTGG TAGAACAGGC AGTGAGAGGC CTTGTTCTTG 300
TTCTACCAA GGAGCTGGCA CGGCAAGCAC AGTCCATGAT TCAGCAGCTG GCTACCTACT 360
GTGCTCGGGA TGTCCGAGTG GCCAATGTCT CAGCTGCTGA AGACTCAGTC TCTCAGAGAG 420
15 CTGTGCTGAT GGAGAAGCCA GATGTGGTAG TAGGGACCCC ATCTCGCATA TTAAGCCACT 480
TGCAGCAAGA CAGCCTGAAA CTTCGTGACT CCCTGGAGCT TTTGGTGGTG GACGAAGCTG 540
ACCTTCTTTT TTCTTTTGGC TTTGAAGAAG AGCTCAAGAG TCTCCTCTAG TCACTTGCCC 600
CGGATTTACC AGGCTTTTCT CATGTGAGCT ACTTTTAACG AGGACGTACA AGCACTCAAG 660
GAGCTGATAT TACATAACCC GGTTACCCTT AAGTTACAGG AGTCCCAGCT GCCTGGGCCA 720
20 GACCAGTTAC AGCAGTTTCA GGTGGTCTGT GAGACTGAGG AAGACAAATT CCTCCTGCTG 780
TATGCCCTGC TCAAGCTGTC ATTGATTCGG GGCAAGTCTC TGCTCTTGT CAACACTCTA 840
GAACGGAGTT ACCGGCTACG CCTGTTCTTG GAACAGTTCA GCATCCCCAC CTGTGTGCTC 900
AATGGAGAGC TTCCACTGCG CTCCAGGTGC CACATCATCT CACAGTTCAA CCAAGGCTTC 960
TACGACTGTG TCATAGCAAC TGATGCTGAA GTCCTGGGGG CCCCACGTCA ACGGGCAATG1020
25 CGACCCCGGC GACGAGCCAA AACGGGGACA ATGGCCTCTC GATTCTTGGA ACGCACGGTC1080
GTGGCCCTGG GGCACTAGAC CTCCACCAT CGTGTCTGCA TGTGCTCAAC TTTTGATCTT1140
CCCCCCAAC CCTTGAGGCC TAACATCCAT CGAGCTTGGC AGGACAGCAA CGCGCTAACA1200
ACCCAGGGCA TAGGTCTTAA CCTTTGGTGC TTTCCACGG AGGCG 1245

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 535:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 822 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 535

55 AAGATCGGTC TTTGTCCTTA TCCTTATCCT TATTCTAATG GCAGTTAGAT GCNNTTCTTT 60
AGAGGGGGCA ATGAGACAGC CAGGTGGGAA GGGGTCCCCA GAGAACTCC AGCCTGCACA120
CTGGGAGGAG TGTGCACTGG GGTGAAGCCA CCGGAAGTTT GCGCCATCTC CAGTGGGGAA180

GAGCCCAGCC CCTCCTCTTC CTGGGTGGGA AACTGCGATT CAAACTGCCA GGTGGGAAGT240
 CCATGGGCAG GAAACAGGCT CTCGNTTTC TAAGAGTCTC TGTTTCCCC TTTTTCCTT300
 TATGCCTAAT TAATAAATC CATTTTTCTC ACCCTTCAA CAGCCTGTGA GCCTAAATTT360
 TTGTGGCCAT GGGACAGACA AGGACCCCGT CTTCAGCTGA ACTAAGGAGA AAGTCCCCAA420
 5 ACAATGGGAA GAAAGGCAGG GAGTAGACAT CCAATTTCTT GGCGTGGATT GTGGAGGGGT480
 ACCATGGTTC TGACCAGATG TGTATCAGGA GCTGTGTTGC AGGAAGTCTC AGGAATGAAG540
 TTGATAGCTT TCTTTCCATC ACATGATGAC TGAAAAGACG AAGGCATCTA ATGAGTTAGA600
 GTCACACCAT CTCATGCCTG TATACTATCA AACAACTTTT GGGAGCTAG CCTTGGTTGG660
 GAAAACATCA TTTCTTAACT GAATGCCTGG ATGCAAGCAA AGTCTCATTG TTGATCATGA720
 10 TGAGGTTTAC CATGTCTTCT TGACAGGATC CTGCAAACAA ACCCACAATT GCTACTATGA780
 CATGCAACTC CATGGTTAAT TCCTTGATA GCAAATAGCT CG 822

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 536:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2703 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 536

AGTTCGGCAC AGGGGGAGGA ACCTGGCCCT GGGAGGAGGC TGTTGCGTGC TCCTAGAGAA 60
 TCCCGTTCTG AAGGGAAGAG CATGTTTGCG GCGTCCCCA CCATGCGTGA GAGTCCCCC 120
 AAACAGTACA TGCACTCGG AGGCAGGGTC TTGCTGGTTC TGATGTTTAT GACCCCTCCTT 180
 40 CACTTTGACG CCAGCTTCTT TTCTATTGTC CAGAACATCG TGGNGCAGAN GCTCTGATGA 240
 TTTTNAGTGG CCATTGGTTT TAAAACCAAG CTGGCTGCTT TGAATCTTGT TGTGTGGCTC 300
 TTTGCCATCA ACGTATATTT CAACGCCTTC TGGACCATTC CAGTCTACAA NGCCCATGCA 360
 TGACTTCCNT GAAATACGAC NTTCTTCCAG ACCATGTCGG TGATTGGGGG CTTGCTCCTG 420
 GNTGNTGGC CCTGGGCCCT NGGGGGTGTC TCCATGGATG AGAAGAAGAA GGAGTGGTAA 480
 45 CAGTCACAGA TCCCTACCTG CCTGGCCTNA AGACCCNGTN GGCCGTCAAG GNACTGGNTT 540
 CNGGGGTGGA TTCAACNAAA ANCTGNCCAG CTTTTNATGT ATCCTCTTCC CTTCCCTCCTC 600
 CTTGGTAAAG GCACAGATGT TTTGAGAANC TTTATTTGCA GAGACACCTG AGAATNCGAT 660
 GGNCTCAGTC TGCTCTGGAG CCACAGTCTG GCGTCTGACC CTTAGTNGC AGGCCNAGCC 720
 TGGCANGCTG GNAAGCCNTC CCCCACGCC GAGGCTTTNG GNAGTGAANC AGNCCCGCTT 780
 50 NGGNTGTGG CATNTCAGT CCNTATTTT GAGTTTTTTT GTGGGGGTAN NCAGGAGGGG 840
 GCCTTCAAGC TGTACTGTGA NGCAGACGCA NTTGGTATTA TCATTCAAAG CAGTCTCCCT 900
 CTTNATTTGT AAGTTTNACA TTTTNNAGC GGAAACTACT AAATTATTTT GGGNTGGTTC 960
 AGCCAAACCT CAAAACAGTT AATCTCCNT GGNNTTNAAA ATCACACCAG TGGNCTTTNG1020
 ATGTTGTTTC TGCCCGCAT TNGTATTTTA TAGGNNATA GTGAAAACAT TTAGGNNACA1080
 55 CCCAANAGAA TGATNGCAGT ATTAAGGGG TGGTAGAAGC TGCTGTTTAT GATAAAGTC1140
 ATCGGTCAGA AAATCAGCTT GGATTNGGTG CCAAGTGNNN TTTTATTGGG TAACACCTG1200
 GGAGTTTTAG TAGCTTGAGG CAAGGTGGAG GGGCAAGAAG TCCTTGGGGA AGCTGCTGGT1260
 CTGGGTNGCT NGCTGGCCTC CAAGCTGGCA GTGGGAAGGG CTAGTGNAGA CCACACANGG1320

GGTAGCCCN AGCAGCAGCA CCTGCAANG CCAGCCNTGG CCNAGCTNNG CTCNAGACCA1380
GCNTTNGCAG ANGCCGCAGN CCGCTGTNNG GGCANGGGGG TGTNGGCAGG AGCTCCCNAG1440
CACTNGGNAG ACCCAGGAC NTCAACCCAG TTNACCTCAC ATGGGGCCNT TTTCTNTGAGC1500
AAGGTCTNCG AAAGCGCAGG CCGCCCTGGN CTGAGCAGCA CCGCCCTTTC CCAGCTGCAC1560
5 TCGCCCTGTG GACAGCCCCG ACACACCANC TTTCTNGAG GCTGTCGCTC ACTCAGATTG1620
TCCGTTTGCT ATGCCGAATG CAGCCAAAAN TTCCTTTTTC CAATTTGTGA TGCCTTACCG1680
ATTTGATCTT AATCCTGTAT TTAAAGTTTT CTAACACTGN NCCTTAAACT GTGTTTCTCT1740
TTTTGGGGGA GCTTAACTGC TTGTTGCTCC CTGTCGCTCN GCACCATAGT AAATGCCACA1800
AGGCTAGTCG AACACCTCTC TGGCCCTAG ACCTATCTGG GGACAGGCTG GCTCAGNCTG1860
10 TCTNCCANGG GCTGCTGCGG CCCAGCCCCG AGCCTGCCTC CCTCTTGNC CTCTCATCCA1920
TTGGNCTCTG CAGGGCANGG GGTGAGGCAG GTTCTNGCN TCATAAGTGC TTTTNGGAAG1980
TCACCTACCT TTTTAACACA GCCGAACCTAN GTCCCAACGC GNTTTGCAA TATTCCTCN2040
GGTAGCCTAC TTNCTTANC CCCGAANTA TTGGTAAGAT CGAGCAATGG NNCTTCAGGA2100
NCATNNGGTT CTCTTCTCT GTGATCATTN CAAGTGCTCA CTGCNATNGA ANGACTNNGC2160
15 TTGNTCNTCA GTGTTTCNAA CCTNACCAG GGCNTGTCTC TTGGTCCACN ACCTCGCTCC2220
CTGTTAGTGC CGTATGACAG CCCCNCATCN AAATGACCTT GGCCNAAGTN CACNGGTTTC2280
TCTGTGTNC AAGGTTGGTT GGCTGATTGG TGGAAANGTN AGGGTGNAG CNAANGGAG2340
GNCCACGTGA NGCAGNTCNA GCACCANNGT TNCTGCANCC AGCAGCNGCC TCCGTCNCTA2400
GTGGGTGTTN CCTNGTTTCN TNCCTGGCCC NTGGGTNGGG CTNAGGGNCC TGATTGCGGN2460
20 AANGATGCCCT TTGNCANGGG AGGGGAGGAN TAAGTGGGAT CTACCNAANT TNGATTCTGG2520
CAAAACAANT TTCTAAGANT TTTTTTGCTT TATGTGGGNA AACAGATCTA AATCTCATTT2580
TATGCTGTAT TTTATATCNT TNAGTTGTGT TTGAAAACNG TTTNTGATTT TTGGAAACAC2640
ATCAAAATAA ATAATGGCGT TTGTTGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA2700
AAA 2703

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 537:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 2664 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 537

50 CTCCAGGGA GTGCTGAGTA GTGATGGTGT CTGGAGGGTC AAATCCATTC CCAATGGCAA 60
AGGTTCCCTCA CCACTCCCCA CCGCTACAAC TCCAAAACCA CTTATCCCTA CAGAGGCCAG 120
CATCAGGGTC TGGGGCACGA GCGGCACGAG CCATCTCCAT CCCCAGGACA TCTGTATGAT 180
TCAGAAAGTAC AACCACGATG GGAAGCAGG TCGGCTGGAG GCTTTTAGCC AAGGGGAAAG 240
TGTCCTAAAG GAACCCAAGT ACCAGGAAGA GCTGGAGGAC AGGCTGCATT TCTACGTGGA 300
55 GGAATGTGAC TACTTGACAG GCTTCCAGAT CCTGTGTGAC CTGCACGATG GCTTCTCTGG 360
GGTAGGCGCG AAGGCGGCAG AGCTGCTACA AGATGAATAT TCAGGGCGGG GAATAATAAC 420
CTGGGGCCTG CTACCTGGTC CCTACCATCG TGGGGAGGCC CAGAGAAACA TCTATCGTCT 480
ATTAACACA GCTTTTGGTC TCGTGCACCT GACTGCTCAC AGCTCTCTTG TCTGCCCTT 540

```

GTCCTTGGGT GGGAGCCTGG GCCTGCGACC CGAGCCACCT GTCAGCTTCC CTTACCTGCA 600
TTATGATGCC ACTCTGCCCT TCCACTGCAG TGCCATCCTG GCTACAGCCC TGGACACAGT 660
CACTGTTCTCT TATCGCCTGT GTTCTCTCTC AGTTTCCATG GTTCATCTGG CTGACATGCT 720
GAGCTTCTGT GGGAAAAAGG TGGTGACAGC AGGAGCAATC ATCCCTTTCC CCTTGGCTCC 780
5 AGGCCAGTCC CTTCCTGATT CCCTGATGCA GTTTGGAGGA GCCACCCCAT GGACCCCACT 840
GTCTGCATGT GGGGAGCCTT CTGGAACACG TTGCTTTGCC CAGTCAGTGG TGCTGAGGGG 900
GTATAGACAG AGCATGCCAC ACAAGCCACA GAACCAAAGG GACACCTCCA CCCTCTGCCC 960
TTCATGCATG TACCACTGGG GAAGAAATCT TGGCTCAGTA TTTACAACAG CAGCAGCCTG1020
GAGTCATGAG TTCTTCCCAT CTGCTGCTGA TCCCTGCAG GGTGGCTCCT CTTACCCCC1080
10 ACCTCTTCTC AAGCTGCAGT CCACCGGGTA TGGTTCTGGA TGGTTCCCCC AAGGGAGCAG1140
GTCCTCTGTT TCCCTCTCCC TTCCACAGCA GTGGAGAGCA TCCCAGTGTT TGGGGCACTG1200
TGTTCTCTTT CGTCCCTGCA CCAGACCCTG GAAGCCTTGG CCAGAGACCT CACCAAATC1260
GACTTGCGGC GCTGGGCCAG CTTCATGGAT GCTGGAGTGG AGCACGATGA CGTAGCAGAG1320
CTGCTGCAGG AGCTACAAAG CCTGGCCAG TGCTACCAGG GTGGTGACAG CCTCGTGGAC1380
15 TAAAGTTCCC AGTGTGGGAG AAAGGAGCTA GTTTGCAATA AAAACAGCTG GATGCAGGAG1440
CCCAGTGTCT TCATGCAGAG GAGCTCAATG TCGCGGGACT AGCTACACCA ACATATGCAC1500
TTTTTACATT TAGAAACACT GTGATTAGAC CACAGAACAA TAAATATGTG CCATCAGACC1560
AAAAAAAAGT AGAGAAAGGA GCTGAATCC ACTCTCGATG CTATTTACAG AGGACATCTG1620
TAAAGTCTTC ATAAAAGACC TTGAATGATG CCTAGGATGG CAGAGCCCTT GGGTCCTACT1680
20 CCATCCTCCA GCCTTTGTCC TTGTCTGGC CTCTGCTCT CCAGATCTGT AAAGTGGGCT1740
CAAGGACTGT ACAAGCAGAG TACAACTACC CCCTCCCCGG TGCCAGGGCG CCTGTTGGGT1800
TTGGTCTGT GTAGATGATT CCCAGAGTCT CATTCATCCA GCTCCTCTTC AGACAGAAGG1860
TCCCCATGGT CAGACAGCTG GTCTGCATTG CTGGTACTGG TTGCATCATC CTCATCCTCA1920
GAGCTGGCTT CACAGGCAGT GTGGAAGAGC TGCATGAGTT CTCGAAAACG GTGGGAAACC1980
25 TCAGCAGGGG TCTTATTTC CAGCTGCTGG GAGATGATGT TGAAGGTCTG TGGCTGTGCC2040
CCTTGCTCCT GGCACATGGT GAGGATCACA CGGTCAGCTT CCCTTGTTCCA CAGGACAACC2100
TTTTCCCCAG TGGAGCTGAC CTGTCTGTTG TTGGCACACA CCGTAGCTTC TGCGGCCCTT2160
GGCTGCTGCT CCCCCTCTGG ACCCTTGGCC TGTGTTCCAC TGCTTTTAGC CAAACCCCT2220
CTAGGGGCTT TGGGAGAAGT CTCTGAGGTG TCAATTCTCTG ATGGAGATTC ATGGACAGGG2280
30 CACGTCCTGT CTCTTGCTT CACCTAGCT CTGCTTGAGG GCAGCCATCT CTCTTGAGTG2340
TCTGGTTTCC CGGACACATG TCTTCTCCCT GCATCTCTGG TCTTTGAGGA AACAGGACTC2400
AGGAAGGAAG CAGGGGGTTC CACGGTACCA GGCAATTTCT CAGTTTCTGA TGCATCCCAG2460
ACCAGCATCA AAGCCTCTGA CTCACCTACT GCCTTTTGCC CCTCCCTCTC TTTCTGAAGT2520
CTGGGGGATG CCTTGGGGCA GGAGCGAACC TCAGGCCCAA CCTGGTTTCT CTTAACAGTG2580
35 TACAGTACAG CTCCAGTTGT GGGGGGAAAT TGAGGAGTCT CTGGTGAATG AGGTGGTGGG2640
CCATCCAGGA GGAGCCGTTC TGTA 2664

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 538:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3888 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 538

GAATTCCCCG CCGGACTGAC GGAGCCCACT GCGGTGCGGG CGTTGGCGCG GGCACGGAGG 60
5 ACCCGGGCAG GCAGCGCAAG CGACCCCGAG CGGAGCCCCG GAGCCATGGC CCTGAGCGAG 120
CTGGCGCTGG TCCGCTGGCT GCAGGAGAGC CGCCGCTCGC GGAAGCTCAT CCTGTTTCATC 180
GTGTTCCCTGG CGCTGCTGCT GGACAACATG CTGCTCACTG TCGTGGTCCC CATCATCCCA 240
AGTTATCTGT ACAGCATTA GCATGAGAAG AATGCTACAG AAATCCAGAC GGCCAGGCCA 300
GTGCACACTG CCTCCATCTC AGACAGCTTC CAGAGCATCT TCTCCTATTA TGATAACTCG 360
10 ACTATGGTCA CCGGGGAATGC TACCAGAGAC CTGACACTTC ATCAGACCGC CACACAGCAC 420
ATGGTGACCA ACGCGTCCGC TGTTCCTTCC GACTGTCCCA GTGAAGACAA AGACCTCCTG 480
AATGAAAACG TGCAAGTTGG TCTGTGTTT GCCTCGAAAG CCACCGTCCA GCTCATCACC 540
AACCCTTTCA TAGGACTACT GACCAACAGA ATTGGCTATC CAATTCCCAT ATTTGCGGGA 600
TTCTGCATCA TGTTTGTCTC AACAAATTATG TTTGCCTTCT CCAGCAGCTA TGCCTTCCTG 660
15 CTGATTGCCA GGTGCTGCA GGGCATCGGC TCGTCTGCT CCTCTGTGGC TGGGATGGGC 720
ATGCTTGCCA GTGTCTACAC AGATGATGAA GAGAGAGGCA ACGTCATGGG AATCGCCTTG 780
GGAGGCCTGG CCATGGGGGT CTTAGTGGGC CCCCCCTTCG GGAGTGTGCT CTATGAGTTT 840
GTGGGGAAGA CGGCTCCGTT CCTGGTGTG GCGGCCCTGG TACTCTTGGA TGGAGCTATT 900
CAGCTCTTTG TGCTCCAGCC GTCCCGGTG CAGCCAGAGA GTCAGAAGG GACACCCCTA 960
20 ACCACGCTGC TGAAGGACCC GTACATCCTC ATTGCTGCAG GCTCCATCTC CTTTGCAAAC1020
ATGGGCATCG CCATGCTGGA GCCAGCCCTG CCCATCTGGA TGATGGAGAC CATGTGTTCC1080
CGAAAGTGGC AGCTGGGCGT TGCCCTCTTG CCAGCTAGTA TCTCTTATCT CATTGGAACC1140
AATATTTTTG GGATACTTGC ACACAAAATG GGGAGGTGGC TTTGTGCTCT TCTGGGAATG1200
ATAATTGTTG GAGTCAGCAT TTTATGTATT CCATTTCOA AAAACATTTA TGGACTCATA1260
25 GCTCCGAATC TTGGAGTTGG TTTTGCAAAT GGAATGGTGG ATTCGTCAAT GATGCCTATC1320
ATGGGCTACC TCGTAGACCT GCGGCACGTG TCCGTCTATG GGAGTGTGTA CGCCATTGCG1380
GATGTGGCAT TTTGTATGGG GTATGCTATA GGTCTTCTG CTGGTGGTGC TATTGCAAAG1440
GCAATTGGAT TTCCATGGCT CATGACAATT ATTGGGATAA TTGATATTCT TTTTGCCCT1500
CTCTGCTTTT TTCTTCGAAG TCCACCTGCC AAAGAAGAAA AAATGGCTAT TCTCATGGAT1560
30 CACAATGCC CTATTAAGAC AAAAATGTAC ACTCAGAATA ATATCCAGT ATATCCGATA1620
GGTGAAGATG AAGAATCTGA AAGTGACTGA GATGAGATCC TCAAAAATCA TCAAAGTGT1680
TAATTGTATA AAACAGTGT TCCAGTGACA CAACTCATCC AGAACTGTCT TAGTCATACC1740
ATCCATCCCT GGTGAAAGAG TAAAACCAA GGTATTATT TCCTTTCCAT GGTATTGGTC1800
GATTGCCAAC AGCCTTATAA AGAAAAAGAA GCTTTCTAG GGGTTGTAT AAATAGTGT1860
35 GAAACTTTAT TTTATGTATT TCATTTTATT AAATATCATA CAATATATTT TGATGAAATA1920
GGTATTGTGT AAATCTATAA ATACTTGAAT CCAACCAAAA TATAATTTT TAACCTACAT1980
TAACAAACAT TTGGGCAAAA ATCATATTGG TAATGAGTGT TTAATAATTA AGCACACATT2040
ATCTCTGAGA CTCTTCCAAC AAAGAGAAAC TAGAATGAAG TCTGAAAAC AGAATCAAGT2100
AAGACAGCAT GTTATATAGT GACACTGAAT GTTATTAAAC TTGTAGTTAC TATCAATATA2160
40 TTTATGCGTT AAACAGCTAG TTCTCTCAAG TGTAGAGGAC AAGAACTTGT GTCAGTTATC2220
TTTTGAATCC ATAAATCTTA GCTGGCATTA GTTTTCTATG TAATCACCTA CCTAGAGAGA2280
GTTGTAATTA ATATGTTAAC ATGTTATCTG GTTGGCAGCA AACACTAAAG CCAATAAAGG2340
AAAAACAGTA AATGTTCCGA AAGCAGAGAA AAGCAACCAA ACATATTGTT ATGAATCAA2400
AGCTTTCCCT TTAAGATGCA TACTTGCTT ACTGGATGAA GAAAATTGAG GGTACATGTA2460
45 CCTTACTAGT TCAAGGTTGT TTAACATGA TAAGGTTAAT CGCCATCTAC TTCAAGTTTT2520
AGAAAAGGAA ACAAGAAGCT AAAAACAGCT GCTCTGACTT TAATATCTGA CTATATCTTT2580
GATCTGTTTG CAGGTCAATC AAGTGTTTTC TAGGAATATA TTTATTTTAG GTTGTCTGAA2640
ACTACTAATT TTTAGACTCC TGAAAGTTGT TCACATCAAT GTGAAGACAA ATTTTAAATG2700
AAAATGAATG ATGAAATTAT GTCTTGAATC ATATATTAAG AAGTAAAAAT AATAGTGATC2760
50 AGGCAGAAAA GAAAAATGGA ACATCTAAAA ATGTATGTGC TAACTATATC ATCCAGTGTG2820
CAGTGTGTG TATTTTCTA AGCATGACAA CATTGATGTG CCTTTCAGT GTAACAGCAA2880
ATACTGTTAG TGAACATTGT CAATTTATGT CATTGTTGTA AGAGATATGA CTGGAGTGTG2940
CAGTGTGGAA TGTCTCTAAT ACTACTTGAG AATCCTGCAG TTCATAATC ATAAACAAAA3000
ATTACTTAGT TTCGTTAAGC TAAGATTGTG TTTGTGTTAA CTTTCGACATC AAGGAGCAAA3060
55 GAACCTTAGA ACAGACTCCT CAATCTTGTG ACTTTCTTAT TCTCTAGGAA AGTAACACTT3120
CGTTTCATGA AGCTTTTCTG TGGGGCTTCG ATTATTCAA GTCTGTTTC TAAGTGCAGT3180
GTGTTGAAG CAAACGAAC TCCAACCTCAC TTATTTGGCA TTGGGCAACT TGGCCAAGTC3240
TGCTACTTTG GAAGATGGCT CTGGAGGAAA CTCTCATATG GCTAAAAAGG CAGGCTAGTT3300
TCTTACTTCT ACAGGGGTAG AGCCTTAAAA AAGAACGTGC TACAAATTGG TTCTCTTTGA3360
60 GGGTTTCTGG TTCTCCCTGC CCCCATACC ATATACTTTA TTGCAATTTT ATTTTGCCT3420
TTACGGCTCT GTGTCTTTCT GCAAGAAGGC CTGGCAAAGG TATGCCTGCT GTTGGTCCCT3480
CGGGATAAGA TAAAATATAA ATAAAACCTT CAGAACTGTT TTGGAGCAAA AGATAGCTTG3540

TACTTGGGGA AAAAAATTCT AAGTTCTTTT ATATGACTAA TATTCTTGGT TAGCAAGACT3600
 GGAAAGAGGT GTTTTTTTAA AATGTACATA CCAGAACAAA GAACATACAG CTCTCTGAAC3660
 ATTTATTTT TGAACAGAGG TGGTTTTAT GTTTGGACCT GGTAATACAG ATACAAAAAC3720
 TTTAATGAGG TAGCAATGAA TATTCAACTG TTTGACTGCT AAGTGTATCT GTCCATATTT3780
 5 TAGCAAGTTT ACTTAATAAA TCTTCTGAAC CATGTTTTGT GCCTGTTTGT ATTCCTTTAT3840
 AAACCAATG TTGTTGGAAT AAAATACATA AGGTATCATT TTGACCGT 3888

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 539:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 539

AAACCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60
 AGAGTGCAGC GGCAGGCCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120
 ATGGAACCTC CTTCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180
 35 AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTCACGC 240
 TGATGCCCGT GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCGCTTCC 360
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420
 GTCCACACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480
 40 GCCAGGCGCC CGCCAACCTG TACAATGACA CCTACCCCT GTCTCCCCA CAAAGGACAC 540
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660
 GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720
 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780
 45 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840
 TTCTGTCCGA CGGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGCCCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGACCAAGT 1020
 AGAACTGGGT GTCCAACCTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA 1080
 50 ACCTCATCCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGTTT TTCTGCCGC 1140
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC 1200
 TGCTGAGCGC CTCCCTGAC TTCGGCGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC 1260
 CCACTCACGG CTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCCAACAC CGACGACCAG ATCATGTGG 1320
 CCCTCAAATC CAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG 1380
 55 ACGGCGGCTT CCGTTGCGG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT 1440
 TCATTTAACT CAAAACGGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAC 1500
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTGTG CTTTTTGGA CTGTGCCTGG GTTGAGGTC 1560
 TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA 1620

CGGAGGCCGC GGTCTGAAC TCTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC1680
AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTCGTTT CTTCATCCG ACCTCGTTTC1740
TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCAGTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800
CCCTATGCCT CACCTTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860
5 AGGTCACCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920
ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980
GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040
GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100
TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160
10 AAAGCAGTTT CCTTTCTTAT AAAGTGGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCAGAGTCC2220
TGTAAGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGCTGGT2280
GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340
CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400
ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460
15 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCAGTGG GAGTTTGGCA GGCTCTTCTC TGTGAAAAC2520
TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCG TGGAGTGTA TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580
GGATTTGAGA CCCAGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTACA2640
GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCACTCCTA CCCCACCCCG2700
CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGCG TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760
20 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820
GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880
AAGGAAGTGA ACGTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940
CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CTTTGACCCG CCTCCTAGAT3000
CATTGTCTT GATGTCCAGG CTGGGTCATT TAAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060
25 GGAAGTTGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120
ACAGCCCAGG TGCCCGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCGA TTAATTTAAA3180
GCTCACCTT TTTCTCCCC TCTCTGTTG CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCCCTC3240
CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300
GGAT 3304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 540

55 CAGGATTGAA ACAAGATGGC GGGTTCGTGG TGAGAAGCCG TCAAGGAGTA GAAATTGGTA 60
TGCTTAGAAG CAGATTCTAA AAGCAGTTTC TCTTCAGAAC ATCTTTTTTC ATACCACTTG120
ATAAGCATCT TGAAACACCA TGGCTGTAGC TGCAGTAAAA TGGGTGATGT CAAAGAGAAC180
TATCTTGAAA CATTTATTTT CAGTCCAAA TGGAGCTTTA TATTGTGTTT GTCATAAATC240

TACGTATTCT CCTCTACCAG ATGACTATAA TTGCAACGTA GAGCTTGCTC TGACTTCTGA300
TGGCAGGACA ATAGTATGCT ACCACCCTTC TGTGGACATT CCATATGAAC ACACAAAACC360
TATCCCTCGG CCAGATCCTG TGCATAATAA TGAAGAAACA CATGATCAAG TGCTGAAAAC420
CAGATTGGAA GAAAAAGTTG AACACCTTGA GGAAGGACCT ATGATAGAAC AACTTAGCAA480
5 AATGTTCTTT ACTACTAAGC ACCGTTGGTA TCCTCATGGA CGGTATCACA GATGTCGTAA540
GAATCTGAAT CCTCCAAAAG ACAGATGATG CGGAGGTTCC TGGGGGAATC AAAGAGAAAT600
GTGCCTCATT TGCCATTTGA GAAAATGCAG TCTGGTGTAT TCAGTAATAT ATAGTAAAGT660
AATAATGATA AAATATCTTT TCATATATTA GAATGTGTAC TTTTATATAA AGTAATTCTG720
GATTTGACAT TCTCATTTAG AGAGACCTAT TCCTTTTTTC GTTTTCTATT TTAGTGTTC780
10 ATTTATGTGC GGTCTCCAAT TTAGGACTTT TCCATAGTGC CAAAGCCATA CATATTAGT840
AGAACATCAA TAAAAAAA AAA 863

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 541:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 541

ACCGACGGCC GCCCCTTTTC GTCTTTTTTT TTTTACATT TCAAATATAT TTTATTACTT 60
TCCATCTTAG AAAGAATATG AAACCTGCAT GCAATGCTAA TGGTTTCTGA CATGTACATA 120
GCATATAACA CAGCAGTACA ATGCGGCATA TACTGGGGGG CAGTGTGTGG AGGGGGCGTT 180
40 CTTAAGGGTA TATGTACAGA GGAAGGGGGC CATGGTCATC TTAGCTTTTC AAAGAGGACT 240
GCACTGTTTA ACATTGAAGA ATTACATGGG GAATCACAAA TATATTGCTT TAGTACTGCA 300
TGTTCTGTTG TGGTGAGGGA AAGAAACATG CTTTGAAGGT TTTCCCTTGT CAACAGAATG 360
TGTGTCTGTA GCTGTGTATT GCGCATGTAT TCATATATTT TTAAGTTTTT TCCTAAGGTT 420
TTTGCTGACA GTGTTGGGAA CCTCACATGC TTCTGAAGCA TTAAATATTG AACCTGTGAA 480
45 CCTTTCAGAA ATCCTCAGGT TGGGAAAGAC CCCACACCTT CTTTAAGGAT CATTTGTCTC 540
GCCATCACAG GATCTTGGAA ATGTTTCCTA GGGTGTGTAA AAATTAACCA GGGGGGAATG 600
AAGCACATTT TTCTGGCAAC CAAACTTGAG TTCTCAGAG AACAGATGCA GAGAGACCTG 660
CTCCTGCTTG CCGGCTACA GGGGCCACTG TGGAGTCACA CTGAGGCTGT GACCGCCAT 720
AAGCCCAGGA GAGCCCGTGG CAGCTGTGCC GAGGCGCCAG GACCTCTAAG CGGAAGCTTC 780
50 CCAAGCTAGG AATGGAGCAA CACTGCAATG AAATGTGTCC ACCAAGCTCA TTGTTCTCTC 840
CGGGCGCTTA TAAAGCTCAG ATGTATAGTG ACGTATGGAC AAATACAAAA AAAAAAAAAA 900
AAAAAAAAAA AAAAAAGCC TTTCTTTCTC ACAGGCATAA GACACAAATT ATATATTGTT 960
ATGAAGCACT TTTACCAAC GGTGAGTTT TACATTTTAT AGCTGCGTGC GAAAGGCTTC1020
CAGATGGGAG ACCCATCTCT CTTGTGCTCC AGACTTCATC ACAGGCTGCT TTTTATCAA1080
55 AAGGGGAAAA CTCATGCCTT TCCTTTTTAA AAAATGCTTT TTTGTATTTG TCCATACGTC1140
ACTATACATC TGAGCTTTAT AAGCGCCCGG GAGGAACAAT GAGCTTGGTG GACACATTTTC1200
ATTGCACTGT TGCTCCATTC CTAGCTTGGG AAGCTTCCGC TTAGAGGTCC TGGCGCCTCG1260
GCACAGCTGC CACGGGCTCT CCTGGGCTTA TGGCCGGTCA CAGCTCAGT GTGACTCCAC1320

AGTGGCCCCCT GTAGCCGGGC AAGCAGGAGC AGGTCTCTCT GCATCTGTTC TCTGAGGAAC1380
 TCAAGTTTGG TTGCCAGAAA AATGTGCTTC ATTCCCCCCT GGTTAATTTT TACACACCCT1440
 AGGAAACATT TCCAAGATCC TGTGATGGCG AGACAAATGA TCCTTAAAGA AGGTGTGGGG1500
 TCTTTCCCAA CCTGAGGATT TCTGAAAGGT TCACAGGTTT AATATTTAAT GCTTCAGAAG1560
 5 CATGTGAGGT TCCCAACACT GTCAGCAAAA ACCTTAGGAG AAAACTTAAA AATATATGAA1620
 TACATGCGCA ATACACAGCT ACAGACACAC ATTCTGTTGA CAAGGGAAAA CCTTCAAAGC1680
 ATGTTTCTTT CCCTCACCAC AACAGAACAT GCAGTACTAA AGCAATATAT TTGTGATTCC1740
 CCATGTAATT CTTCAATGTT AAACAGTGCA GTCCTCTTTC GAAAGCTAAG ATGACCATGC1800
 GCCCTTTCCT CTGTACATAT ACCCTTAAGA ACGCCCCCTC CACACACTGC CCCCAGTAG1860
 10 TACGCAGGCA TTGGTACCGG CTGGTGTTAA AATGGCTATG GGACATGGTC AGGAAACCAT1920
 TTAGGCATTG GCATTGAGG TTCCATAATC CGTTTCTAAG GA 1962

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 542:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1772 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 542

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
 CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCTCCTCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120
 GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180
 40 GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CCGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
 CCGCTGCGCG CGAGCCCGGT GTCCCCACGG CGGGCAGCAG CGCCGGCGGC GCGGCTGAA 300
 CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGCGCG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360
 CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCCGCAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420
 CCCCAGCAAC TTCTTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480
 45 CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540
 ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGACTT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600
 GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTGA 660
 GGAGATGATG GAATATTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720
 TTTATAAACA AGGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780
 50 TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840
 TTGGCAAGAA GGGGCAAAAA CGTGACTATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900
 TAACTTTTAG CATGCTGCAC AGAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960
 ATGCTCAGTT TTGTTTGTGTT TTGGCAGTTG ACAAGAAGTT AATTGCTTT AGTAAAAATC1020
 CCTCATTCGA GCCTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTAATGT GGTGCACACT1080
 55 ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140
 TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200
 ATTTCTCTTT CCCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260
 TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320

TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTCACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380
TATAAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTTGT CTAAAAATTT AAGTTGTTTT1440
CAAATAAAAA TTAAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTCCTCC AGCTTTTTTT1500
GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTACT AATTATATAC1560
5 TTCTCATTC TGTAACTCCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620
ATTGAATGGG GTATTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAATGT ATTGCTTAAG1680
GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740
TTAAAGGAC TTTCAAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1009 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 543

CTCGTGC GGT GATGTTGAGC AGAAGATACA ATTCAAAAGA GAAACAGCCA GTTTGAAACT 60
35 GTTACCCAC CAGCCCCGAA TTGTGGAGAT GAAGAAAGGA AGCAATGGCT ATGGTTTCTA 120
TCTGAGGGCA GGCTCAGAAC AGAAAGGTCA AATCATCAAG GACATAGATT CTGGAAGTCC 180
AGCAGAGGAG GCTGGCTTGA AGAACAATGA TCTGGTAGTT GCTGTCAACG GCGAGTCTGT 240
GGAAACCCTG GATCATGACA GTGTGGTAGA AATGATTAGA AAGGGTGGAG ATCAGACTTC 300
ACTGTTGGTG GTAGACAAAG AGACGGACAA CATGTACAGA CTGGCTCATT TTTCTCCATT 360
40 TCTCTACTAT CAAAGTCAAG AACTGCCAA TGGCTCTGTC AAGGAGGCTC CAGCTCCTAC 420
TCCCATTCT CTGGAAGTCT CAAGTCCACC AGATACTACA GAGGAAGTAG ATCATAAGCC 480
TAAACTCTGC AGGCTGGCTA AAGGTGAAAA TGGCTATGGC TTTCACTTAA ATGCGATTCTG 540
GGGTCTGCCA GGCTCATTCA TCAAAGAGGT ACAGAAGGGC GGTCTGCTG ACTTGGCTGG 600
GCTAGAGGAT GAGGATGTCA TCATTGAAGT GAATGGGGTG AATGTGCTAG ATGAACCCTA 660
45 TGAGAAGGTG GTGGATAGAA TCCAGAGCAG TGGGAAGAAT GTCACACTTC TAGTCTGTGG 720
AAAGAAGGCC TATGATTATT TCCAAGCTAA GAAATCCCT ATTGTTCCCT CCCTGGCTGA 780
TGCCAGTTGA CAGCCCTGCA GGTCTAAAG AAGGAATAGT GGTGGAGTCA AACCATGAG 840
CGCACATGGC AAAAGAACGG GCGGCTATTG CAGACGGCTA ATTTATGCTT AACTTAGGAA 900
GAGATAAGGT TCCTTGAGCA CCAAAGATGA TTCATAACTC TGTATAGGTG ACAGCTGCTT 960
50 ATAAAGCAT CTTAGCAGAT AAGCCTATTA AAATTGTGCT TTTGTAACA 1009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 2834 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 544

```
20  CACTTTGCGG GCGGCACTTT TTCCAGGTTG TTAATCCAGC TAATGGAGAA GGATAGATGC 60
    ACGCTACTTG GTTTAGAAAA AAAAACAAAA ATGAGCAAAC GAGACGCCCC TTCCGTTTTA 120
    TGATAACTAA GCTGCAGGGA AATAAATCGG CTGGCCCTAC TGCAATCTAC TGCACTCGAG 180
    AAACATCACA GAAAATTCTT TGATTATCTT TAATAGTGAC AAGTGAGCCT GCTTCTGTCA 240
    ATTACTGAAG CTATAAGGAG ATTTTTTAAA AATTAACTT CAACACAATG AGGTGTTGCC 300
25  ACATCTGCAA ACTTCTGGG AGAGTAATGG GGATTCGAGT GCTTCGATTA TCTTTGGTGG 360
    TCATCCTCGT ATTATTACTG GTAGCTGGTG CTTTGACTGC CTTACTTCCC AGTGTTAAAG 420
    AAGACAAGAT GCTCATGTTG CGTAGGGAAA TAAATCCCA GGGCAAGTCC ACCATGGACT 480
    CCTTTACTCT CATAATGCAG ACGTACAACA GAACAGATCT CTTATTGAAA CTTTTAAATC 540
    ATTATCAGGC TGTACCAAAT CTGCACAAAG TGATTGTGGT ATGGAACAAT ATTGGAGAGA 600
30  AGGCACCAGA TGAGTTATGG AATTCTCTAG GGCCCCACCC TATCCCTGTG ATCTTCAAAC 660
    AACAGACAGC AAACAGGATG AGAAATCGAC TCCAGGTCTT TCCTGAAC TGAAACCAATG 720
    CAGTGTGATG GGTAGATGAT GACACACTCA TCAGCACCCC AGACCTTGTT TTTGCTTTCT 780
    CAGTTTGGCA GCAATTTCTT GATCAAATG TAGGATTTGT TCCTAGAAAG CACGTCTCTA 840
    CTTTCATCAGG TATCTACAGT TATGGAAGTT TTGAAATGCA AGCACCAGGG TCTGGAAATG 900
35  GTGACCAGTA CTCTATGGTG CTGATTGGAG CCTCATTCTT CAATAGCAAA TATCTTGAAT 960
    TATTTTCAGG GCAACCTGCA GCTGTCCATG CTTTGATAGA TGATACTCAA AACTGTGATG1020
    ATATTGCCAT GAATTTTATC ATTGCCAAGC ATATTGGCAA GACTTCAGGG ATATTTGTGA1080
    AGCCTGTAAA CATGGACAAT TTGAAAAAAG AAACCAACAG TGGCTATTCT GGAATGTGGC1140
    ATCGAGCTGA GCACGCTCTG CAGAGGTCTT ATTGTATAAA TAAGCTTGTT AATATCTATG1200
40  ATAGCATGCC CTTAAGATAC TCCAACATTA TGATTCCCA GTTTGGTTTT CCATATGCCA1260
    ACTACAAAAG AAAAATATAA AAGTAAACAA AACAAAAACA AACCTGAAAA CTGCTTGGCA1320
    TTTGAGTAGT TTCTCCATGC TATGTATTTT TTTAAGCAAC ATCATGAATT TTATCTATC1380
    CAGAAGTCTC TACAATAGAA AAAAAAGTGC AGTGCTTCTA GGATATAAAA TTCACATTAC1440
    TTTTGAAAGC CAAGAAGTTG GTCTTATCCA GTTAGGTCTT CTTATGAAGA GTTTTCATCC1500
45  AGGGATATAA CTCCTTGGTC AGTGATTTTA TTGTTTACAT CCTGAGACTG TTCTACAGTT1560
    TCTTTGACTC CTGGCATTTG CCTTAAGGAC CTATAGCAAG CTGTTTCTAG GATCAGAAAC1620
    TCAAGAGAGG CATTTCTCTG CTTTTTCACT AAAGGTCAGT TGTTTTAATT TGAAACCTGA1680
    AATGCCTCTT TAGCAAAAGC CTGTGGTATG GGGTAAAGCC AGAATAGTCT1740
    CAGTCACATA TGAAGAGGAA AATTTGCAGC TGCCAGTGCT TTCCTTGTGG CCCTGCCAAC1800
50  CAGCTCTTCC AGGACGAACT CAGTCCAGCA TGGTTTTGAT GTAACCATCC ATGCTTTTAT1860
    TTTTGTTAAG TCTTTTGTGA CTGGGACAGT TAATTTTAGT AGCTGAAGAA CGTCTAGTTG1920
    TTTGCTTGAT ATTTGTGAAC ATTTACTGCA TGGATCACAA AACATATAC CCTGTATTTT1980
    TTACACGCCA CTTATATGCA GCAAGGAGTA AATGTGTAC TAGATTCGGG TAGTGCATTT2040
    TGTCAGTGAA TCTGACCTTG AGAATGTACA TTAATCTTAT TATTTTACAT AATGTATGTG2100
55  TTGTTTAAGA AATGTATAAA AAACCTGAAA AAAATGAGTA AGAAGTGGCA GAAGTTAAAA2160
    CCCTTTGTAT CAAAAGATCT TTATTGGTAG AGCACTGGTT ATCTTCTGGA TACTAAAAAG2220
    TTGTATTACA AAGCCAAACA CTTGCATTCA CAACTTTAAA AAAAGATCCA AGGAACTATT2280
    CATAATGATG AAATTCCAAC TACATACAAG GAGGAGAAAA TAAGAACCCA GTCATAACAG2340
    AGGAATTCTA TAGGAGTCTG CATCAATTCA TTCTTAAGGT TGCCTACTCT CTGTTATGTG2400
```

AATTAGCGTC TGTGTTTCAC CCATTGTCTG TGTTTAGTCC TTGTTCCACCA CTAAGGCAAG2460
GAATTCTTAA CTAGGCCTCT GTTTACCAAC TTCTCTTTCT CCTCCTTTCC CTCTTATTC2520
TCCTTCTCCT CTTCTTCTT ATATAATGCT AGTATATTCT CAAAATTGCA AAGCTGTGAG2580
AATATTAAAA TAATCATGGC TAATGTTCCA ATAATGAGGT CTTGTGTCAT TTAGTTCGCG2640
5 ATATGATGGT TTTTTTTT CATTAAAGAG TATATGTGTC TTAATGCAGT CAGATTGTAA2700
AAAACAAAA CAAAGAACT AAGAATCTTA CTAAAATCG ATAATGTCAG TTATCTGTTT2760
TGCCAATAT TGGTAGTACT TTTTGCCTC TTATGATTCC TCTAGCAGAT AAATAAAGA2820
AACTTTTGCC ATCC 2834

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2319 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 545

AACGTCATTG GTAACAGCAA GTCCCAGACA CCAGCCCCCA GTTCCGAAGT GGTTTTGGAT 60
35 TCAAAGAGAC AAGTTGAGAG AGAGGAAACC AACCATGAGA TCCAGGAGGG GAAAGAAGAG 120
CCTCAGAGGG ACAGGCTGCC GCAGGAGCCA GGCCGGGAGC AGGTNGTGGA AGACAGACCT 180
GTAGGTGGAA GAGGCTTCGG GGGAGCCGGA GAACTGGGCC AGACCCACA GGTGCAGGCT 240
GCCCTGTCAG TGAGNCCAGG AAAATCCAGA GATGGAGGGC CCTGAGCGAG ACCAGCTTGT 300
CATCCCCGAC GGACAGGAGG AGGAGCAGGA AGCTGCCGGG GAAGGGAGAA ACCAGCAGAA 360
40 ACTGAGAGGA GAAGATGACT ACAACATGGA TGAAAATGAA GCAGAATCTG AGACAGACAA 420
GCAAGCAGCC CTGGCAGGGA ATGACAGAAA CATAGATGTT TTTAATGTTG AAGATCAGAA 480
AAGAGACACC ATAAATTAC TTGATCAGCG TGAAAAGCGG AATCATACAC TCTGAATTGA 540
ACTGGAATCA CATATTCAC AACAGGGCCG AAGAGATGAC TATAAATGT TCATGAGGGA 600
CTGAATACTG AAAACTGTGA AATGTACTAA ATAAAATGTA CATCTGAANG ATGATTATTG 660
45 TGNAATTTT AGTATGCACT TTGTGTAGGA AAAAATGGNA ATNGGTCTTT TAAACAGCTT 720
TTGGGGGGNT ACTTTNGGAA GTGTCTNAAT AANGGTGTCA CNAATTTTGG GNTAGTANGG 780
TATTTCTGTG GNAAGNNTTC AACACCAAAA CTNGGAACAT AGTTCTCCTT CAAGTGTGG 840
CGACANCGGG NNGCTTCCTG ATTCTGGAAT ATAACTTTGT GTAAATTAAC AGCCACCTAT 900
AGAAGAGTCC ATCTGCTGTG AAGGAGAGAC AGAGAACTCT GGGTTCGGTC GTCCTGTCCA 960
50 CGTGCTGTAC CAAGTGCTGG TGCCAGCCTG TTACCTGTTC TCACTGAAAA GTCTGGCTAA1020
TGCTCTGTG TAGTCACTTC TGATTCTGAC AATCAATCAA TCAATGNNCC TAGANGCACT1080
GACTGTTAAC ACAACGTC A TAGNCAACNA GCTTTAAGTC TAAATACAAA1140
GCTGTTCTGT GTGAGAATTT TTTAAAAGGC TACTTGTATA ATAACCCTTG TCATTTTAA1200
TGTACAAAAC GCTATTAAAGT GGCTTAGAAT TTGAACATTT GTGGNTCTTT ATTTACTTG1260
55 CTNCGTGTG TGGGCAAAGC AACATCTTCC CTAAATATAT ATTACCAAGA AAANGCAAGA1320
AGCAGATTAG GNTTTTGGAC NNAACANA ACAGGCCNNA AAAGGGGGCN TGNACCTGGA1380
GCAGAGCATG GTGNAGAGGC AAGGCATGNA GAGGGCAAGT TTGTTGTGGA CAGATCTGTG1440
CCTACTTTAT TACTGGAGTA AAANGAAAAC AAAGTTNCAT TGATGTCGNA AGGATATATA1500

5 CAGTGTNNAG AAATTNNAGG NACTNGTTTN AGAAAAACAG GAATACNNAA TGGNTTGNTT1560
TTTATCATAN GTGNTACACA TTTAGCTTGT GGNTAAATNG ACTCACAAAA CTGANTTTTA1620
AAATCAAGTT AATGTGAATT TTGAAAATTA CTAATTAATC CTAATTCACA ATAACAATGG1680
CATTAAAGTT TGACTTGAGT TGGTTCTTAG TATTATTAT GGTAAATAGG CTCTTACCAC1740
10 TTGCNAAATA ACTGGNCCAC ATCATTAAATG ACTGACTTCC CNAGTAANGG CTCTCTAAGG1800
GGTAAGTNAG GAGGATCCAC AGGATTTGAG ATGCTAAGGC CCCAGAGATC GTTTGATNCC1860
AACCTCTTA TTTTCNAGAG GGGAAAATGG GGCCTNAGNA AGTTACANGA GCATCNTNAG1920
CNTGGTGCGC TGGNCACCCC NTGGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGANCTA1980
CAGGCACACA GTCCTGAAG CAGGCCCNTG TTTGCAATTC ACGTTGCCNA CCTNCCAACN2040
15 TTAAACATTN CTTCATATGT GATGTCCTTA GTCACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCCA2100
GAAAAGGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTCCA2160
GCCTCACTTT GAGTCCTCCT TNGGGTTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTGC TTTCTCAATA2220
AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAATGTT2280
CTGTTCAACT TANNNNNAAA AAAAAANAA AAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 546:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2456 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 546

40 TGCAACTGTG CACCCAGCTT GCCAGATTTT TCCCCATTAC ACCCCAGTG TGGCATATCC 60
TTGGTCCCCA GAGGCACACC CCTTGATCTG TGGACCTCCA GGCCTGGACA AGAGGCTGCT 120
ACCAGAAACC CCAGGCCCTT GTTACTCAA TCCACAGCCA GTGTGGTTGT GCCTGACTCC 180
TCGCCAGCCC CTGGAACCAC ATCCACCTGG GGAGGGGCTT TCTGAATGGA GTTCTGACAC 240
CGCAGAGGGC AGGCCATGCC CTTATCCGCA CTGCCAGGTG CTGTCGGCCC AGCCTGGCTC 300
45 AGAGGAGGAA CTCGAGGAGC TGTGTGAACA GGCTGTGTGA GATGTTTCAAG CCTAGCTCCA 360
ACCAAGAGTG TGCTCCAGAT GTGTTGGGGC CCTAACTTGG CACAGAGTCC TGCTCCTGGG 420
AAAGGAAAGG ACCACAGCAA ACACCATCTT TTTTGCCGTA CTTCTAGAA GCACCTGGAAG 480
AGGACTGGTG ATGGTGGGAG GGTGAGAGGG TGCCGTTTTT CTGCTCCAGC TCCAGACCTT 540
GTCTGCAGAA AACATCTGCA GTGCAGCAA TCCATGTCCA GCCAGGCAAC CAGCTGCTGC 600
50 CTGTGGCGTG TGTGGGCTGG ATCCCTTGAA GGCTGAGTTT TTGAGGGCAG AAAGCTAGCT 660
ATGGGTAGCC AGGTGTTACA AAGGTGCTGC TCCTTCTCCA ACCCTACTT GGTTCCTCCTC 720
ACCCCAAGCC TCATGTTTCA ACCAGCCAGT GGGTTCAGCA GAACGCATGA CACCTTATCA 780
CCTCCCTCCT TGGGTGAGCT CTGAACACCA GCTTTGGCCC CTCCACAGTA AGGCTGCTAC 840
ATTCAGGGGC AACCTGGGC TCTATCATTT TCCTTTTTTG CCAAAAGGAC CAGTAGCATA 900
55 GGTGAGCCCT GAGCACTAAA AGGAGGGGTC CCTGAAGCTT TCCCACTATA GTGTGGAGTT 960
CTGTCCCTGA GGTGGGTACA GCAGCCTTGG TTCCTCTGGG GGTGAGAAT AAGAATAGTG1020
GGGAGGGAAA AACTCCTCCT TGAAGATTTT CTGTCTCAGA GTCCCAGAGA GGTAGAAAGG1080
AGGAATTTCT GCTGGAATTC ATCTGGGCAG AGGAAGGATG GAATGAAGGT AGAAAAGGCA1140

GAATTACAGC TGAGCGGGGA CAACAAAGAG TTCTTCTCTG GGAAAAGTTT TGTCTTAGAG1200
 CAAGGATGGA AAATGGGGAC AACAAAGGAA AAGCAAAGTG TGACCCCTGG GTTGGACAG1260
 CCCAGAGGCC CAGCTCCCCA GTATAAGCCA TACAGGCCAG GGACCCACAG GAGAGTGGAT1320
 TAGAGCACAA GTCTGGCCTC ACTGAGTGGG CAAGAGCTGA TGGGCCTCAT CAGGGTGACA1380
 5 TTCACCCAG GGCAGCCTGA CCACTCTTGG CCCCTCAGGC ATTATCCCAT TTGGAATGTG1440
 AATGTGGTGG CAAAGTGGGC AGAGGACCCC ACCTGGGAAC CTTTTTCCCT CAGTTAGTGG1500
 GGAGACTAGC ACCTAGGTAC CCACATGGGT ATTTATATCT GAACCAGACA GACGCTTGAA1560
 TCAGGCACTA TGTTAAGAAA TATATTTATT TGCTAATATA TTTATCCACA AATGTGGTCT1620
 GGTCTTGTGG TTTTGTCTTG TCGTGACTGT CACTCAGGGT AACAAAGTCA TCTCTTCTA1680
 10 CATCAAGAGA AGTAAATTAT TTATGTTATC AGAGGCTAGG CTCCGATTCA TGAAAGGATA1740
 GGGTAGAGTA GAGGGCTTGG CAATAAGAAC TGGTTTGTA GGGGCTAAAA GTGTGGCTTA1800
 GTGAGATCAG GGAAGGAGAA AGCATGACTG GATTCTTACT GTGCTTCAGT CATTATTATT1860
 ATACTGTTCA CTTCACACAT TATCATACTT CAGTGACTCA GACCTTGGGC AAATACTCTG1920
 TGCCCTCGCTT TTTCAGTCCA TAAAATGGGC CTACTTAATA GTTGTGTCAG GACTTACATG1980
 15 AGATAATAGA GTGTAGAAAA TATGTTCCAA AGTGGAAAGT TTTATTCAGT GATAGAAAAC2040
 ATCCAAACCT GTCACAGAGC CCATCTGAAC ACAGCATGGG ACCGCCAACA AGAAGAAAGC2100
 CCGCCCGGAA GCAGCTCAAT CAGGAGGCTG GGCTGGAATG ACAGCGCAGC GGGGCTGAA2160
 ACTATTTATA TCCCAAAGCT CCTCTCAGAT AAACACAAAT GACTGCGTTC TGCCTGCACT2220
 CGGGCTATTG CGAGGACAGA GAGCTGGTGC TCCATTGGCG TGAAGTCTCC AGGGCCAGAA2280
 20 GGGGCTTTG TCGCTTCCTC ACAAGGCACA AGTTCCCTT CTGCTTCCCC GAGAAAGGTT2340
 TGGTAGGGT GGTGGTTTAG TGCCTATAGA ACAAGGCATT TCGCTTCCTA GACGGTGAAA2400
 TGAAAGGGAA AAAAAGGACA CCTAATCTCC TACAAATGGT CTTTAGTAAA GGAACC 2456

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 547:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 547

GAGGAAAAAG AACAAATGAAC AGCAACGATC TTGACTGTGC AACTCAGACA TTCCTGCAGA 60
 AAAGACATAT GTTGCTTTAC AAGAAGGCCA AAGAACTATG GGGCCTTCCC AGCATTGAC 120
 50 TGTTCATTGC ATAGAATGAA TTAAATATCC AGTTACTTGA ATGGGTATAA CGCATGAATG 180
 TGTGATTTTA TTAGGGGCAT CTGCCAATTC TCTCACTGTG GTTCCTTCTC TGACTTTGCC 240
 TGTTTCATCAT CTAAGGAGGC TAGATCCTTC GCTGACTTCA CCATTCTCTA AACCTGTAAG 300
 TTTCTCACTT CTTCCAAATT GGCTTTGGCT CTTTCTTCAA CCTTTCCATT CAAGAGCAAT 360
 CTTTGCTAAG GAGTAAGTGA ATGTGAAGAG TACCAACTAC AACAAATCTA CAGATAATTA 420
 55 GTGGATTGTG TTGTTTGTG AGAGTGAAGG TTTCTTGGCA TCTGGTGCCT GATTAAAGGCT 480
 TGAGTATTAA GTTCTCAGCA TATCTCTCTA TTGTCTTGAC TTGAGTTTGC TGCATTTTCT 540
 ATGTGCTGTT CGTGACTTGG AGAACTTAAA GTAATCGAGC TATGCCAACT TGGGGTGGTA 600
 ACAGAGTACT TCCCACCACA GTGTTGAAAG GGAGAGCAAA GTCTTATGGA TAAACCCTCC 660

TTTCTTTTGG GGACACATGG CTCTCACTTG AGAAGCTCAC CTGTGCTGAA TGTCCACATG 720
GTCATAAAC ATGTTATCCT TAAACCCCC GTATGCCTGA GTTGAAAGGG CTCTCTCTTA 780
TTAGGTTTTT ATGGGAACAT GAGGCAGCAA ATCTATTGCT AAGACTTTAC CAGGCTCAAA 840
TCATCTGAGG CTGATAGATA TTTGACTTGG TAAGACTTAA GTAAGGCTCT GGCTCCCAGG 900
5 GGCATAAGCA ACAGTTTCTT GAATGTGCCA TCTGAGAAGG GAGACCCAGG TTATGAGTTT 960
TCCTTTGAAC ACATTGGTCT TTTCTCAAAG TTCCTGCCTT GCTAGACTGT TAGCTCTTTG1020
AGGACAGGGA CTATGTCTTA TCAATCACTA TTATTTTCCT GTTACCTAGC ATGGGACAAG1080
TACACAACAC ATATTTGTGT AGTCTTCTAA AAGACTCCTC TGATTGGGAG ACCATATCTA1140
TAATTGGGAT GTGAATCATT TCTTCAGTGG AATAAGAGCA CAACGGCACA ACCTTCAAGG1200
10 ACATATTATC TACTATGAAC ATTTTACTGT GAGACTCTTT ATTTTGCCTT CTACTTGC1260
TGAAATGAAA CCAAAACAGG CCGTTGGGTT CCACAAGTCA ATATATGTTG GATGAGGATT1320
CTGTTGCCTT ATTGGGAAC GTGAGACTTA TCTGGTATGA GAAGCCAGTA ATAAACCTTT1380
GACCTGTTTT AACCAATGAA GATTATGAAT ATGTTAATAT GATGTAAATT GCTATTTAAG1440
TGTAAGCAG TTCTAAGTTT TAGTATTTGG GGGATTGGTT TTTATTATTT TTTTCCTTTT1500
15 TGAAAAATAC TGAGGGATCT TTTGATAAAG TTAGTAATGC ATGTTAGATT TTAGTTTTC1560
AAGCATGTTG TTTTTCAAAT ATATCAAGTA TAGAAAAAGG TAAAACAGTT AAGAAGGAAG1620
GCAATTATAT TATTCTTCTG TAGTTAAGCA AACACTTGTT GAGTGCCTGC TATGTGCACG1680
GCATGGGCCC ATATGTGTGA GGAGCTTGTC TAATTATGTA GGAAGCAATA GATCTCGGTA1740
GTTACGTATT GGCAGATAC TTAGTGTATG AATGAAAGAA CATCACAGTA ATCACAATAT1800
20 CAGAGCTGAG TTATCCCCAG TGTAGCTTCG TTGGGGATTC CAGTTTCTGG GAACGAGAGT1860
TAGGGCCATT TTATTTAAAA GAAACTCCCG GTTGAGACCG GTTCTTATGA ACCTCTGAAA1920
CGTACAAGCC TTCACAAGTT TAACTAAATT GGGATTAATC TTTCTGTAGT TATCTGCATA1980
ATTCTTGTTT TTCTTTCCAT CTGGCTCCTG GGTTGACAAT TTGTGGAAAC AACTCTATTG2040
CTACTATTTA AAAAAATCA GAAATCTTTC CCTTTAAGCT ATGTTAAATT CAACTATTTC2100
25 CTGCTATTCC TGTTTGTCA AAGAATTATA TTTTTCAAA TATGTTTATT TGTTTGATGG2160
GTCCAGGAA ACCTAATAA AAACCACAGA GACCAGCCCC AAAAAAAAAA AAGTTTGT 2218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 548:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2196 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 548

CGGCGCGATG CGCGGAGACC CCCGCGGGGG CGGCGGCGGC CGTGAGCCCC GATGAGGCCC 60
GAGCGTCCCC GGCCGCGCGG CAGCGCCCCC GGCCCGATGG AGACCCCGCC GTGGGACCCA 120
GCCCGCAACG ACTCGCTGCC GCCCACGCTG ACCCGGCGCG TGCCCCCTA CGTGAAGCTT 180
55 GGCTCACCG TCGTCTACAC CGTGTCTAC GCGCTGCTCT TCGTGTTTCT CTACGTGCAG 240
CTCTGGCTGG TGCTGCGTTA CCGCCACAAG CGGCTCAGCT ACCAGAGCGT CTTCTCTTT 300
CTCTGCCTCT TCTGGGCTC CCGCGGACC GTCCTCTTCT CTTCTACTT CAAAGACTTC 360
GTGGCGGCA ATTGCTCAG CCCCTTCGTC TTCTGGCTGC TCTACTGCTT CCCTGTGTGC 420

CTGCAGTTTT TCACCCTCAC GCTGATGAAC TTGTA CTCTCA CGCAGGTGAT TTCAAAGCC 480
 AAGTCAAAAT ATTCTCCAGA ATTACTCAA TACCGGTTGC CCCTCTACCT GGCTCCCTC 540
 TTCATCAGCC TTGTTTTCC TTTGGTGAAT TTAACCTGTG CTGTGCTGGT AAAGACGGGA 600
 AATTGGGAGA GGAAGGTTAT CGTCTCTGTG CGAGTGGCCA TTAATGACAC GCTCTTCGTG 660
 5 CTGTGTGCCG TCTCTCTCTC CATCTGTCTC TACAAAATCT CTAAGATGTC CTTAGCCAAC 720
 ATTTACTTGG AGTCCAAGGG CTCCTCCGTG TGTCAAGTGA CTGCCATCGG TGTACCGTG 780
 ATACTGCTTT ACACCTCTCG GGCCTGCTAC AACCTGTTC TCCCTGTCATT TTCTCAGAAC 840
 AAGAGCGTCC ATTCTTTTGA TTATGACTGG TACAATGTAT CAGACCAGGC AGATTTGAAG 900
 AATCAGCTGG GAGATGCTGG ATACGTATTA TTTGGAGTGG TGTATTGTG TTGGGAAGTC 960
 10 TTACCTACCA CCTTAGTCGT TTATTTCTTC CGAGTTAGAA ATCCTACAAA GGACCTTACC1020
 AACCTGGAA TGGTCCCCAG CCATGGATTC AGTCCCAGAT CTTATTTCTT TGACAACCCT1080
 CGAAGATATG ACAGTGATGA TGACCTTGCC TGGAACATTG CCCCTCAGGG ACTTCAGGGA1140
 GGTTTTGCTC CAGATTACTA TGATTGGGGA CAACAACTA ACAGCTTCCT GGCACAAGCA1200
 GGAACTTTGC AAAGACTCAA CTTTGGATCC TGACAAACCA AGCCTTGGGT AGCATCAGTT1260
 15 AACAGTTTTA TGGACGATTC CTCAGATGAA AAGCTTCAGA AAAGCATAGT GACAGCTGAA1320
 TTTTATGGGC ACTTTTCCTT AAGAAATAGA ACTTGATTTT TATTTGTTAC AGGTTTCAA1380
 TGGCCCCATA GGAATAAGCA ATAATGTAGA CTGATAAACC CTTATTTTAG TACTAAAGAG1440
 GGAGCCTTGC TATTTAGTG GGTATAATTT AAACCTTTTA AAGAAAATCT GTACTTTTAT1500
 AAAGATGTAT TTTGTATAAC TTAAATAATA ATGCTAAAGT ATACTAGGGT TTTTTTTTCT1560
 20 TGAGAATGTT ACTGCAATCA TGTTGTAGTT TGCACAGACT TTTATGCATA ATTCACTTTA1620
 AAAATATAGA ATATATGGTC TAATAGTTTT TTAAAGCTTT TGGACTAAAG TATTCACAA1680
 ATCTTACCTC TTTAGGTCAC TGATGGTCAC TCCGATTCTG AGTGCCACAT TGGTAGACTC1740
 CTAAAATACA GTTGACAACCT TAGCCAATTG CAACTCCAGT GTTGATAATT AAAATGAAAT1800
 GGTAAAGCAG CAGACTGTAA GGTCTTTAGA GATTTTTTTT TTAAGGTTCA GGCCGTAGGT1860
 25 TCCTCAAGGA ATCTCTTAAG TTTTGCCCAA AGACTGGTAC TTCTTTTCAG TAGGGCGCTA1920
 ATGTATACAC ATTAATGATA AGTTGATAAC ATTAATAATG TAGCTGACTT ATCCTATTAA1980
 ACCTCCTCTG CTATGTTCAC AGAACCCCCA TAACTTTTTT TCAGCCTAAT GAAATCTAAT2040
 ATGCATTACC TCAGGGCCAC ATCAAGAATA CACCCCTTC CGAACTCACT GAATGTTTAT2100
 TACATTCAAG GAGAAAATAA GAGGGTCCAT AAAGGGCATT AATAACAAAT ACCCCAAGCC2160
 30 GTTGAGCTAA GACTATGTGG AATCCTAATA GTTTTT 2196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 549:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 549

55

AATTAAATA AATAGAAACA TACGGAGATT CTTTATGTT GGATTTATTA TACCCTCCAC 60
 CATTTTGGTC CCTGAAAAGG GAAAAGATAC ACGGTCGAGT AGTACAGGTA TGTGTTTCCC120
 ACTACACATT ATGGCTATAA TGGAGTTGAA TTGCAACAG TAAATTTTGT TTTTGGATTG180

5 GTTCCCCCTG ATCCCCCAG ACAGGAGCTT CCTCTCCCAC CCTACCTGCC TGCCCTTAAG240
TTGTGTCCTA TTAACCTGGA CACAAATCTC ACCGGCTTTT AGTCTAATAA TTGAATCATA300
GCTACACACA GTGACACCAG AATAGCTACT TGTTTTTTTA TGTTACCAGT GAGTAACTTG360
TTTATCCTTG TATGTAGAAA CTAATTTTAC CATGATCACA GATCTGTGTA ACATCTCTAG420
10 TTTGAATTTT CACACAATTT TAAAATGTCT ACTAGAAAAC TTACACCTTT TTGTTCCAAG480
GTGCTCTTCA TCTATAAAAC CGTGGGCATA CTTCAGTGTT CTTCTGAGGC CAAATTTTGT540
GGGTCGTGGG GGACAATTTT GTATTAACAT ACGTTATTTT GTAATTCATT CTCCAAATTT600
GAAGCTTTAT TAAAGGTATT CTATTTCCAC TGGCTTCCCT TAACTTGAAT AAAATTTACT660
CCCAGTGCCG TGGCTCATGC CTGCTGCAAT CCCAGCCCTT T 701

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2214 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 550

35 GCTAAAGAGG AGGATGCTAT ACTTTTCTAA ATGGCAAGAG ATGGGGAGAG AAGGGGATTA 60
AGAGTTGACC CGCAACCTCC CGGTGGATTCT TTTGTTCTTA CCAGATCTCT TGGCCACTCC 120
CCTATTCTGA AGTCGCTTG GCTCTCTTGA CTGCTCCCTT ATTCTGAAGT CGTCTTGGCT 180
CTCTTGACTA CTCCCTATT CTGAAGTCGT CTTGGCTCTC CTGACTACAC TATTTCAAGG 240
AATGATCACC AAGACACACA AAGTAGACCT TGGGCTCCCA GAGAAGAAAA AGAAGAAGAA 300
40 AGTGGTCAAA GAACCAGAGA CTCGATACTC AGTTTTAAAC AATGATGATT ACTTTGCTGA 360
TGTTTCTCCT TTAAGAGCTA CATCCCCCTC NTAAGAGTGT GGCCCATGGG CAGGCACCTG 420
AGATGCCTCT AGTGAAGAAA AAGAAGAAGA AAAAGAAGGG TGTCAGCACC CTTTGCGAGG 480
AGCATGTAGA ACCTGAGACC ACGCTGCCTG CTAGACGGAC AGAGAAGTCA CCCAGCCTCA 540
GGAAGCAGGT GTTTGGCCAC TTGGAGTTCC TCAGTGGGGA AAAGAAAAAN TAAGAAGTCA 600
45 CCTCTAGCCA TGTCCCATGC CTCGTGGGGT AAAACCTCCC CAGNACCCNT AGACAGGGTG 660
AGGAGGAAAC CAGAGTTGGC AAGAAGCTCA AAAAANCACA AGAAGGAAAA AAAGGGGGNC 720
CCAGGACCCC ACNAGCCTTC TCGGTCCAGG ACCCTTGGTT CTGTGAGGCC AGGGAGGCCA 780
GGGATGTTGG GGACACTTGC TNCAGTGGGG AAGAAGGATG AGGAACAGGC AGCCTTGGGG 840
NCAGAAACGG AAGNCGGAAG AGCCCCAGAG AACACAATGG GAAGGTGAAG AAGAAAAAAA 900
50 AAATCCACCA GGAGGGAGAT GCCCTCCCAG GCCACTCCAA GCCCTCCAGG TCCATGGAGA 960
GCAGCCCTAG GAAAGGAAGT AAAAAGAAGC CAGTCAAAGT TGAGGCTCCG GAATACATCC1020
CCATAAGTGA TGACCCTAAG TCCTCCGCAA AGAAAAAGAT GAAGTCCAAA AAGAAGGTAG1080
AGCAGCCAGT CATCGAGGAG CCAGCTCTGA AAAGGAAGAC GAGGAAGAAG AGGAAGAAGA1140
GTGGGGTAGC AGGAGACCTT TGGAGGGAGG AAACAGACAC GGACTTAGAG GTGGTGTGG1200
55 AAAAAAAGG CAACATGGAT GAGGCGCACA TAGACCAGGT GAGGCGAAG GCCTTGCAAG1260
AAGAGATCGA TCGCGAGTCA GGCAAAACGG AAGCTTCTGA AACCAGGAAG TGGACGGGAA1320
CCCAGTTTGG CCAGTGGGAT ACTGCTGGTT TTGAGAACGA GGACCAAAAA CTGAAATTTCT1380
TCAGACTTAT GGGTGGCTTC AAAAACCTGT CCCCTTCGTT CAGCCGCCCC GCCAGCACGA1440

TTGCAAGGCC CAACATGGCC CTCGGCAAGA AGGCGGCTGA CAGCCTGCAG CAGAATCTGC1500
AGCGGGACTA CGACCGGGCC ATGAGCTTGG AAGTACAGCC GGGGAGCCGG CTTGCGGTGT1560
TCTCCACCGC CCCCAACAAG ATCTTTTACA TTGACAGGAA CGCTTCCAAG TCAGTCAAGC1620
TGGAAAGATTA AACTCTAGAG TTTTGTCCCC CCAAACTGC CACAATTGCT TTGATTATTC1680
5 CATTTATGCT GGAGATTACA AATTTTTTTT GGTGAACAAA TCAGATCTTG GTGAGGACCT1740
CGAGCAGTAA GATATAAATA ACTCCCNATA AGCTTAGNCG TTCCCAGTAA TGGAACTA1800
GGCATAAANT GGTATTATNC AGTTGTGCAA ATGAAAGCCA TCTGACAGTT GGCTNCACAT1860
TGAACACCTG TGGAGATTAA GGACGAGGAC AACTATATTG ATGGGCTTG ATGAACTGGG1920
GCAGGGCAGC TCATATTTTCG GGAGCCAGGA GAACGAGTGA GTGCTAAAAC CTCCTGTTT1980
10 CTGTGTATAA CATTCCTGCC CTGTTTGAGA CATCAGTATG TACAGTTAAC TTTTGTGAG2040
TGTTTAGCAG GTACTAGGGA CATACTAGTG TTTTCCTTAA TGTATTTAAT CTTCATAATT2100
ATGAAATGGG TGCTATTATT AGCCCCATCT TATAGATGAG GCAACTGAGG TTCAGGGATA2160
AAGTAATAAA ATTGCCTGGG GTCACCCAGC CACTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAA 2214

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 551

40 GCGCGGCCGG CGCCTGCGGG GCGAGAGGGT CGGGGCGAAG GGAAGCTAC GTCCCGGAGG 60
TGCGGTGTGG GGCACCGGGC GGGGCGCGG GAACCGGCGC CCCACGGAGC TGCTGTGTC 120
AGACCAACCC CGGGCCCCCA TCATCACTGC GCCGCGCTTT CAGGCGCCGA GAACCTACCGT 180
TCCCGGCATG CCATGAAATT GGCCTCGGCG CTGAGGCGGG GTCCGGCCCT CCACCCGCTC 240
CCGCGCGCGC CGAATCGCGG TCGCGAGCCA TGGAGGAGGA GGCATCGTCC CCGGGGCTGG 300
GCTGCAGCAA GCCGCACCTG GAGAAGCTGA CCCTGGGCAT CACGCGCATC CTAGAATCTT 360
45 CCCCAGGTGT GACTGAGGTG ACCATCATAG AAAAGCCTCC TGCTGAACGT CATATGATTT 420
CTTCCTGGGA ACAAAGAAT AACTGTGTGA TGCTGAAGA TGTGAAGAAC TTTTACCTGA 480
TGACCAATGG CTTCACATG ACATGGAGTG TGAAGCTGGA TGAGCACATC ATCCACTGG 540
GAAGCATGGC AATTAACAGC ATCTCAAAAC TGACTCAGCT CACCCAGTCT TCCATGTATT 600
CACTTCCTAA TGCACCCACT CTGGCAGACC TGGAGGACGA TACACATGAA GCCAGTGATG 660
50 ATCAGCCAGA GAAGCTCAC TTTGACTCTC GCAGTGTGAT ATTTGAGCTG GATTCATGCA 720
ATGGCAGTGG GAAAGTTTGC CTTGTCTACA AAAGTGGGAA ACCAGCATTG GCAGAAGACA 780
CTGAGATCTG GTTCCTGGAC AGAGCGTTAT ACTGGCATT TCTCACAGAC ACCTTTACTG 840
CCTATTACCG CCTGCTCATC ACCACCTGG GCCTGCCCCA GTGGCAATAT GCCTTCACCA 900
GCTATGGCAT TAGCCACAG GCCAAGCAAT GGTTCAAGAT GTATAAACCT ATCACCATA 960
55 ACACAAACCT GTCACAGAA GAGACCGACT CCTTTGTGAA TAAGCTAGAT CCCAGCAAAG1020
TGTTTAAGAG CAAGAACAAG ATCGTAATCC CAAAAAGAA AGGGCCTGTG CAGCCTGCAG1080
GTGGCCAGAA AGGGCCCTCA GGACCCTCCG GTCCCTCCAC TTCCTCCACT TCTAAATCCT1140
CCTCTGGCTC TGGAAACCCC ACCCGGAAGT GAGCACCCCT CCCTCCAAC CTCTACCAGC1200

TCCAGAGTGG TGGTTTCCAT GCACAGATGG CCCTAGGGGT GACCTCCAGT TTTGCGTGTG1260
GACCGTAGGC CTCTTTCTAG TTGAATGACC AAAATTGTAA GGCTTTTAGT CCCACCGACA1320
TTAGCCAGGC TCGTAGTGAG GCCTCCAGAG CAGGTGTGTC TGTCCCCTGC CTCTGGAAGC1380
AATGGGGAAT GTGGAATCAA GACAATGCCC AAAAAATTTT TAATGCAGCT GGTC 1434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 552

30 CCCGAGAAG GTGGAGGGAG ACGAGAAGCC GCCGAGAGCC GACTACCCCTC CGGGCCCAGT 60
CTGTCTGTCC GTGGTGGATC TAAGCCTCAT CTGTATCCTC TTGTGATGGC GTGAAGGAAA 120
GCCATGGCAG ATTTCCAGCC TGGTGATGCT GTACAGAACA CAGGTGGCCT GCTTCCATGC 180
CTCCTCAGCT TCAAGAAACT AGAATGAACC GAAGCATTC TGTGGAGGTT GATGAATCAG 240
AACCATACCC AAGTCAGTTG CTGAAACCAA TCCCAGAATA TTCCCCGGA GAGGAATCAG 300
35 AACCACTGC TCCAATATA AGGAACATGG CACCCAACAG CTTGTCTGCA CCCACAATGC 360
TTCACAATTC TCCCGGAGAC TTTTCTCAAG CTCACTCAAC CCTGAAACTT GCAAATCACC 420
AGCGGCCTGT ATCCCGGCAG GTCACCTGCC TGCGCACTCA AGTTCTGGAG GACAGTGAAG 480
ACAGTTTCTG CAGGAGACAC CCAGGCCTGG GCAAAGCTTT CCCTTCTGGG TGCTCTGCAG 540
TCAGCGAGCC TCGTCTGAG TCTGTGGTTG GAGCCCTCCC TGCAGAGCAT CAGTTTTCAT 600
40 TTATGGA AAA ACGTAATCAA TGGCTGGTAT CTCAGCTTTC AGCGGCTTCT CCTGACACTG 660
GCCATGACTC AGACAAATCA GACCAAAGTT TACCTAATGC CTCAGCAGAC TCCTTGGGCG 720
GTAGCCAGGA GATGGTGCAA CGGCCCCAGC CTNCACAGGA ACCGAGCAGG CCTGGATCTG 780
CCAACCATAG ACACGGGATA TGATTCCAG CCCCAGGATG TCCTGGGCAT CAGGCAGCTG 840
GAAAGGCCCC TGNCCCTCAC CTCCGTGTGT TACCCCCAGG ACCTCCCCAG ACCTCTCAGG 900
45 TCCAGGGAGT TCCCTCAGTT TGAACCTCAG AGGTATCCAG CATGTGCACA GATGCTGCCT 960
CCCAATCTTT CCCACATGC TCCATGGAAC TATCATTACC ATTGTCCTGG AAGTCCCGAT1020
CACCAGGTGC NCATATGGCC ATGACTACCC TCGAGCAGCC TACCAGCAAG TGATCCAGCC1080
GGCTCTGCCT GGCNCAGCCC CTNNGCCTGG AGCCAGTGTG AGAGGCCTGC ACCCTGTGCA1140
GAANNGGTTA TCCTGAATTA TCCAGCCCC TGGGACCAAG AAGAGAGGCC CGCACAGAGA1200
50 GACTGCTCCT TCCCGGGGCT TCCAAGGCAC CAGGACCAGC CACATCACC A GCCACCTAAT1260
AGAGCTGGTG CTCCTGGGGA GTCCTTGGAG TGCCCTGCAG AGCTGAGACC ACAGGTTCCT1320
CAGCCTCCGT CCCAGCTGC TGTGCCTAGA CCCCTAGCA ACCCTCCAGC CAGAGGAACT1380
CTAAAAACAA GCAATTTGCC AGAAGAATTG CGGAAAGTCT TTATCACTTA TTCGATGGAC1440
ACAGCTATGG AGGTGGTGAA ATTCGTGAAC TTTTGTGTG TAAATGGCTT CCAAACCTGCA1500
55 ATTGANCANT ATTTGAGGAT AGAATCCGAG GCATTGATAT CATTNAAATG GATGGAGCGC1560
TACCTTANGG GATAAGACCG TGATGATAAT CGTAGCAATC AGCCCCNAAA NTACAAANNC1620
AGGACGTNGG NAAGGNCGCT GANGTCNGCA GCTGGACGAG GATGAGCATG GCTTACATAC1680
TAAGTACATT CATCGAATGA TGCAGATTGA GTTCATAAAA CAAGGAAGCA TGAATTTTCAG1740

ATTCATCCCT GTGCTCTTCC CAAATGCTAA GAAGGAGCAT GTGCCACCT GGCTTCAGAA1800
CACNTCATGT CTACAGCTGG CCCAAGAATN AAAAAAACA TCCTGCTGCG GCTGCTNGAG1860
AGAGGAAGAG TATGTGGCTC CTCCACGGGG GCCTCTGCCC ACCNCTTCAG GTGGTTCCCT1920
TGTGANACAC GTTCATCCCC AGATCACTGA GGCCNAGGCC ATGTTTGGGN GCCTTGTTCT1980
5 GNACAGCATT CTGGCTGAGG CTNGGTCGGT AGCANNCTCC TGGCTGGTTT TTNTCTGTT2040
CCNTCCCCGA NGAAGCCCTC TGGNNCCCC ANGGAAACCT GTTGTGCAGA GCTCTTCCCC2100
GGAGACCTCC NACACANCCC TGGNCTTTGA AGTGGAGTCT GTGNACTGNC TCTGCATTNC2160
TCTGCTTTTN AAAAAAACCA TTGCAGGTGN CCAGTGTCCC ATATGTTNCC TCCTNGACAG2220
NTTTGATGTN GTNCCATTCT NGGGCCTCTC AGTGCTTAGC AAGTAGATAA TGTAAGGGAT2280
10 GTNGGCAGCA AATGGAAATG ACTACAAACA CTCTCCTATC AATCACTTCA GGCTACTTTT2340
ATGAGTTAGC CAGATGCTTG TGTATCTCA NGACCAAACCT GATTCATGTA CAAATAATAA2400
AATGTTTACT CTTTGTAA AAAAAA AAAA 2434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 554:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1457 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 554

ACTAACCCAG AGTTGTGGCA TTATTAATTA TCACTGGTCT TCTTAATCGT AAAACGGGGG 60
ACCCAGAGG CAAGGAAATT TCCATTACCC TATATTGGGC TTAACTTAA AGGAGTATAT 120
40 CCACTATCAA GAGCTTAGTA CAAAGGCTGG GGTGAAGTTA CATTATACCT GGGCGTTTAA 180
CCATACCAGG GACCCACCT CAACAATGAC TGTGGAAGAC CAAAGGAGAT ACCTAGGTTC 240
AGATTATAAT AAATCACCCA GCACCACTG AATGTATTAT CCACAAAGAT ATAGCAATAA 300
TAAAGGTTAT ATATACATAT ATTTATCTTG GTAACCTGAG GGCTAAAAAC GTGGAATACG 360
ATAATTCTTC TCAAGAGGTC CATCTGTAAG AAAGGGACCC AAAAGGACAG TGTTTGTGTT 420
45 GCATAAAATA TGGGTAAAGT GGAGTTGGGA ACAAAGGGTG GTTCTTTTAG CTCTTTCCAC 480
ATCTCTCTTT GATAAGGACT GAAACCCTGT TGATTCATGA TAAACGTTT CTTTTTTTTT 540
TTTTTTGGCA GCGGGGAGAG GGAAAGAGGA GGAAATGGGG TTTGAGGACC ATGGCTTACC 600
TTTCCTGCCT TTGACCCATC ACACCCCAT TCTCTCTCT TCCCTCTCCC CGCTGCCAAA 660
AAAAAAAAAA AGGAAACGTT TATCATGAAT CAACAGGGTT TCAGTCCTTA TCAAAGAGAG 720
50 ATGTGGAAAG AGCTAAAGAA ACCACCTTT GTTCCCAACT CCACTTTACC CATATTTTAT 780
GCAACACAAA CACTGTCCTT TTGGGTCCCT TTCTTACAGA TGGACCTCTT GAGAAGAATT 840
ATCGTATTCC ACGTTTTTAG CCCTCAGGTT ACCAAGATAA ATATATGTAT ATATAACCTT 900
TATTATTGCT ATATCTTTGT GGATAATACA TTCAGGTGGT GCTGGGTGAT TTATTATAAT 960
CTGAACCTAG GTATATCTT TGGTCTTCCA CAGTCATGTT GAGGTGGGCT CCCTGGTATG1020
55 GTAAAAAGCC AGGTATAATG TAACTTCACC CCAGCCTTTG TACTAAGCTC TTGATAGTGG1080
ATATACTCTT TTAAGTTTAG CCCCAATATA GGGTAATGGA AATTTCTGCT CCTCTGGGTT1140
CCCCATTTT ACTATTAAGA AGACCACTGA TAATTTAATA ATGCCACCAA CTCTGGCTTA1200
GTTAAGTGAG AGTGTGAAC GTGTGGCAAG AGAGCCTCAC ACCTCACTAG GTGCAGAGAG1260

CCCAGGCCTT ATGTTAAAT CATGCACTTG AAAAGCAAAC CTTAATCTGC AAAGACAGCA1320
GCAAGCATTA TACGGTCATC TTGAATGATC CCTTTGAAAG TTTTTTTTGT GTTGGTTTGG1380
TTTAAATCA AGCCTGAGGC TGGGTGAAA CAGGTAGCCT ACACACCCA AATTGGGGGT1440
GGTCCCGGGG GAATGTT 1457

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 555:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 741 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 555

30 CTCCTAAAA GACTGGGAAA GCAGCTTTGG GCTTTGGGTC CTCCTAAAA AACCAAGGCG 60
GATGACTTGG GGTTTGGATC CCCTTCGGAT GTCACCTGAA AAAGCCTTAG CAGACCTGAT120
TGAGAAGGAA CTGTCCCGTT CAAAGACCAA CCTTCCCTTT CGCCCCACAT CTCTTCAGAA180
CTCCTCTTCA CACACTACAA CCGCCAAAGG TCCCAGGCTC TGGATTCTTG CATCCTGCTG240
CAGCTACAAA TGCCAATTCT CTAAATAGTA CCTTTTCAGT CTTGCCCCAG AGGTTCCCTC300
35 AATTTTCAGCA GCACCGAGCG GTTTATAATT CATTCAGTTT TCCAGGCCAG GCAGCCCGCT360
ATCCTTGGAT GGCCTTTCCA NCGCAATAGC ATCATGCNAC TTGAACCACA CAGCAAACCC420
CACCTCAAAT AGTAATTCTT TGGACTTGAA TCTCCCGCCA CAGCACAACA CAGGTCTGGG480
AGGGATCCCT GTAGCAGGGG AAGAAGAGGT GAAGGTTTCG ACCATGCCAC TGTCAACCTC540
TTCCCATTC A TTACAACAAG GACAGCAGCC TACAAGTCTC CACACTACTG TGGCCTGACA600
40 ACAGAACTGA GAGGAGAGGA TTAGACTCTG GGTGCTTGC ATGGGCAACT GGATTTTTGC660
ATGATTCTT TATGATTTTG CTTTAAATGT ATACACCCAG AAGAGCCAAT ATAAACGTTTC720
CTCATGCCTA AAAAAAAAAA A 741

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 561:

- (A) LÄNGE: 470 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

TDQPNIQSVK IHSPLPLNPN KGCECPPRD GGFIFKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPKGTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSFNK120
10 GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFAQKDVE GSTSPQIGDK VEFISIDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVSLEL GDMVEYSLSK240
GKGNKVSAEK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
GEVYPFGIVG MANKGDCLOK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVILNQRTG KCSACNVWRV CEGPKAVAAP420
15 RPDRLVNRLK NITLDDASAP RLMVLRQPRG PDNSMGFGAE RKIRQAGVID 470

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 562:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
20 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

35 LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPIV GHPNDAKWID LTFHIALLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
LSNAIH 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 563:

40 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 564:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTQDN LDLANVNLML 60
25 ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSG120
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KIKVYEDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT QQRSKVYQEH EKRCWSVDEN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
30 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDT VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 549

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 565:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

TLYFVYIDMC NSQRGWEIRT LQIIHCYIIV HICYFVTFVF SFVFFFFFFF FFCGSINFYC 60
FVIYFYSKEF VLSQKLDNT TKSSNVHGVV LMVESWLGP NVPKVIKEGK EKKKKIFKTN120
55 PKPMTLGRD IT 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 566:

- 5 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

20 GTVLSSTLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFFTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 567:

- 25 (A) LÄNGE: 331 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

40 SANHKLEVNG TDGLAPVEVE ELLRQASERN SKSPTEYHEP VYANPFYRPT TPQRETVTPG 60
PNFQERIKIK TNGLGIGVNE SIHNMGNGLS EERGNNFNHI SPIPPVPHPR SVIQQAEK120
HTPQKRLMTP WEESNVMQDK DAPSPKRLS PRETIFGKSE HQNSSPTCQE DEEDVRYNIV180
HSLPPDINDT EPVTMIFMGY QQAEDSEEDK KFLTGYDGII HAELVVIDDE EEEDEGEAEK240
45 PSYHPIAPHS QVYQPAKPTP LPRKRSEASP HENTNHKSPH KNSISLKEQE ESLGSPVHHS300
PFDAQTTGDG TEDPSLTALR MRMAKLGKKV I 331

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 568:

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

LSLTSRMEEA ELVKGRLOAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNOQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180
15 AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 569:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
20 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

35 LEKLHICFPQ LFGNFSQIMT TTYSHGLIWY TVMIIFWTSE KINKISRREI CKCFLVSSSK 60
DVIYIGTTLR SPFFPALPFS SLKLLRMDPQ SHLQLSEHQM GNGGQGLSF LLALSEIWNF120
CGGIYDLCFH ED 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 570:

40

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

5 NEVTPWSEFWW WTKLTFFFPL ALKKSSRVSS SHLPRIYQAF LMSATFNEDV QALKELILHN 60
PVTLKLQESQ LPGPDQLQOF QVVCETEEDK FLLLYALLKL SLIRGKSLLF VNTLERSYRL120
RLFLEQFSIP TCVLNGELPL RSRCHIIISQF NQGFYDCVIA TDAEVLGAPR QRAMRPRRRA180
KTGTMASRFL ERTVVALGH 199

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 571:

10

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

QVRRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180
30 LLFSFGFEEE LKSL 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 572:

- 35 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

50 DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60
RLPGARAGPS QEVLPF 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 573:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

DSQVGRGPQR NSSLHTGRSV HWGEATGSLR HLQWGQAQPL LFLGGKLRFK LPGGKSMGRK60
QALXLLRVSV SPFFPLCLIN KFHFSHPNS L 91

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 574:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

EKWNLLIRHK GKKGETETLS KXRACFLPMD FPPGSLNRSF PPRKRRGWAL PHWRWRKLPV60
ASPQCTLLPV CRLEFLWGPL PTWLSHCPL 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 575:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

LIRCLRLFSH HVMERKLSTS FLRLPATQLL IHIWSEPWYP STIHARKLDV YSLPFFPLFG60
DFLLSSAEDG VLVCPMATKI 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 577:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

LLPLLLLLLIH GDTPIXGPGPX XQEQAPNHRH GLEEXRISXK SCMGXVDWNG PEGVEIYVDG 60
KEPHNKSQSS QLGFKTNGHX KSSEXVXHDV LDNRKEAGVK VKEGHEHQNQ QDPASELHVL120
FGGALTHGGD ARKHALPFRT GFSRSTQQPP PRARFLPLCR T 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 578:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

QTDNLSEKQP XGKXVCRGCP QGECSWERAV LLXPGRPALS XTLLXKXAPC EVNWVXVRGS 60
XXCXGAPAXT PXPXQXAAAS AXAGLEXSXA XAGXAGCCCX GLPXVWSXLA LPTASLEASX120
XPRPAASPRP SCPSTLPQAT KTPRVLPNKX XLGTXSKLIF 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 579:

- (A) LÄNGE: 437 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

SQGVLSDDGV WRVKSIPNGK GSSPLPTATT PKPLIPTEAS IRVWGTSGTS HLHPRSICMI 60
QKYNHDGEAG RLEAFSQGES VLKEPKYQEE LEDRLHFYVE ECDYLQGFQI LCDLHDGFGSG120
VGAKAAELLQ DEYSGRGIIT WLLPGPYHR GEAQRNIYRL LNTAFGLVHL TAHSSLVCPL180
SLGGSLLGLRP EPPVSFPYLH YDATLPFHCS AILATALDTV TVPYRLCSSP VSMVHLADML240
SFCGKKVVTA GAIIPFPLAP GQSLPDSLMQ FGGATPWTPPL SACGEPSGTR CFAQSVVLRG300
YRQSMHPKPQ NQRDTSTLCP SCMYHWGRNL GSVFTTAAAW SHEFFPSAAD SLQGGSSSLPP360
PLLKLQSTGY GSGWFPQGSR SSVSLSLPQQ WRASQCLGHC VPLRPCTRPW KPWPEPSPNS420
TCGAGPASWM LEWSTMT 437

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 580:

- (A) LÄNGE: 277 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

TERLLLDGPP PHSPETPQFP PTTGAVLYTV KRNVGPPEVR SCPKASPRLO KEREQKAVS 60
ESEALMLVWD ASETKLPQT VEPPASFLSP VSSKTRDAGR RHVSGKPDQ ERWLPSSRAR120
VKTRDRTCPV HESPSGIDTS ETSPKAPRG LAKDSGTQAK GPEGEQQPKA AEATVCANNS180
KVSSTGEKVV LWTREADRVI LTMCEQGAQ PQTENIISQQ LGNKTPAEVS HRFRELMQLF240
HTACEASSED EDDATSTSNA DQLSDHGDLL SEELDE 277

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 581:

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

15 FPESHSSSSS SDRRSPWSDS WSALLVLVAS SSSSELASQA VWKSCMSSRK RWETSAGVLF 60
PSCWEMMLKV CGCAPCSWHM VRITRSASLV HRTTFSPVEL TLLLAHTVA SAAFGCCSPS120
GPLACVPLSL AKPPLGALGE VSEVSIPDGD SWTGHVLSLV FTLALLEGSH LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 582:

20 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

35 EFPPGLTEPT AVRALARARR TRAGSASDPE RSPGAMALSE LALVRWLQES RRSRKLILFI 60
VFLALLLDNM LLTVVVPPIIP SYLYSIKHEK NATEIQTARP VHTASISDSF QSIFSYYDNS120
TMVTGNATRD LTLHQATQH MVTNASAVPS DCPSEDKDLL NENVQVGLLF ASKATVQLIT180
NPFIGLLTNR IGYPIPIFAG FCIMFVSTIM FAFSSSYAFL LIARSLQGIG SSCSSVAGMG240
40 MLASVYTDDE ERGNVMGIAL GGLAMGVLVG PPFGSVLYEF VGKTAPFLVL AALVLLDGA1300
QLFVLQPSRV QPESQKGTPL TTLKDPYIL IAAGSISFAN MGIAMLEPAL PIWMMETMCS360
RKWQLGVAFL PASISYLIGT NIFGILAHKM GRWLCALLGM IIVGVSIICI PFPKNIYGLI420
APNFGVGFAN GMVDSSMMPI MGYLVDLRHV SVYGSVYAIA DVAFCMGYAI GPSAGGAIK480
AIGFPWLMTI IGIIDILFAP LCFPLRSPPA KEEKMAILMD HNCPIKTKMY TQNNIQSYPI540
45 GEDEESED 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 583:

50 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

YLLSHWNQYF WDTCTQNGEV ALCSSGNDNC WSQHFMYIS KKHLWTHSSE LWSWFCKWNG 60
GFVNDAYHGL PRRPAARVRL WECVRHCGCG ILYGVCYRSF CWWCYCKGNW ISMAHDNYWD120
N 121

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 584:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

DGGSVHWPGR LDGCSILLML NAVQITWDDG DHDSEQHVVO QQRQEHDEQD ELPRAAALLQ 60
PADQRQLAQG HGSGAPLGVA CAACPGPPCP RQRPHRSGLR QSGREF 106

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 585:

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 585:

KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFEFG 60
AAILWLLCSH RPAPGRPPETH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTAG IRYRIAVIAD120
LDTEPTAQDE NTWRSCLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180
FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGGLGKE240
5 WTTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300
QRWFFLPRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360
TDDQIIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFTLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 586:

10

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 586:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQOEAPVQRE GHVGGDSAA VLLGFEGHND 60
LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLLAV ALLAGAARQE120
EPALQRVTPA GRMLDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180
30 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHGP HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240
FPIENNQVG 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 587:

35

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 587:

50

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPPHSNYL TPTPTLTPTP PRDRQGCHGG PEGAGSGCPC120
AGPSQTSPLL KLKHSCEEGS EEGPLSHGCL FPPLCHR 157

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 588:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

NTMAVAAVKW VMSKRILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTSDGRTI 60
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120
TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 589:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60
RSFLKVFNEF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
YVAIIVIW 128

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 590:

45

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

10 KLVCLLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 591:

15 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

30 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSLK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 592:

35

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGFLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 593:

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

20 TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 594:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

40 TPALRARS LR DRCARAPCPH GGQRRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLPIFKLK ESTVRRRYS D120
FEWLRSELER ESKVVVPPLP GKAF LRQFLL EEMMEY LMTI LLRKENKGWS SL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 595:

- 45 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

10 SAAGCQPRSP PFRSCCRRR GLPPPPPSA AAAGAAARRG DTGLARSGRE ENEHVERAFT 60
PHAKLLPAPL KLPPSPGEK RLTSWNATPG SREARPLGR GTADWGVRRS GVMGLGVANR120
FRPDYSA 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 596:

15 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

30 FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
VIQVLR LGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPALLPAVGT RGSRAAVAKR120
TST 123

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 597:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120

IYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFQAK KIPIVPSLAD AS 262

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 598:

KGWRSDFTVG GRQRDQGHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 599:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60
EEQ 63
45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

- (A) LÄNGE: 336 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 600:

15 KLNFNMTMRCC HICKLPGRVM GIRVLRSLV VILVLLLVAG ALTALLPSVK EDKMLMLRRE 60
IKSQGKSTMD SFTLIMQTYN RTDLLLKL LN HYQAVPNLHK VIVVWNNIGE KAPDELWNSL120
GPHPIPVIFK QQTANRMNR LQVFELETN AVLMVDDDTL ISTPDLVFAF SVWQQFPDQI180
VGFPVRKHVS TSSGIYSYGS FEMQAPGSGN GDQYSMLVIG ASFFNSKYLE LFQRQPAAVH240
ALIDDTQNC DDIAMNFIIAK HIGKTS GIFV KPVNMDNLEK ETNSGYSGMW HRAEHALQRS300
YCINKLVNIY DSMPLRYSNI MISQFGFPYA NYKRKI 336

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

20

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 601:

HALKILQHYD FFWFSICQL QKKNIKVKQT KTNLKTAWHL SSFSMLCIFL SNIMNFIYSR 60
SLYNRRKSAV LLGYKIHITF ESQEVGLIQL GLLMKSFHPG I 101

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 602:

5 FKSFNKRSVL LYVCIMRVKE SMVDLPWDFI SLRNMSILSS LTLGSKAVKA PATSNNTRMT60
TKDNRSTRIP ITLPGSLQMW QHLIVLKFNF 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 10 (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 603:

25 IYGVSFILFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLLL 60
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQAPV GSGPVLRLPR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA120
ACPSEALLSP PGSHGWFLS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ 163

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 604:

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXKKQIRX FDXKXNRPXK 60
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXKQXSID VXRIYTVXRN XXXXFXKNRN120
50 TXWXXFYHXX YTFSLWXNXL TKLXFKIKLM 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 605:

15

LDFKXQFCES IXPQAKCVXX MIKXXPXXIP VFLKXVPXIS XHCIYPXDIN XTLFSFYSSN 60
KVGTDLSTTN LPSXCLASXP CSAPGXXPLX XPVXFVKXP NLLAFSW 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

20

- (A) LÄNGE: 203 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 606:

GPSALVHSVR PDLCSNPLSC GSLACMAYTG ELGLWAVQTQ GSHFAFPLLS PFSILALRQN 60
FSQRRTLCCP RSAVILPFLP SFHPSSAQMK SSRNSSFLPL WDSETGNLQG GVFPSPFLFLF120
STPRGTAAV PTSGTELHTI VGKLQGPLLL VLRAHLCYWS FWQKRKMIEP RVAPECSSLT180
40 VEGPKLVFRA HPRREVIRCH AFC 203

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 607:

EVQRKEWCLL WSFPFPGAGL CAKLGPQHIW STILLVGARPE HLTQPVHTAP RVPPLSQAGP 60
TAPGSADKGM ACPLRCQNSI QKAPPQVDVV PGAGEESGTT TLAVNLSNRG LGFLVAASCP120
GLEVHRSRGV PLGTDMPHW GCNGEKSGKL GAQL 154

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 608:

CGVLSLRWVQ QPWFLWGLRI RIVGREKLLL EDFLSQSPRE VERRNFCWTS SGQRKDG MKV 60
EKAELQLSGD NKEFFSGKSF VLEQGWKMG TKEKQSVTLG FGQPRGPAPQ YKPYRPGTHR120
RVD 123

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 609:

50

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60
ESFRRLHKYV LCTCPMLG NR KIIVIDKT 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 610:

SCFHKLSTQE PDGKKNKNYA DNYRKINPNL VKLVKACTFQ RFIRTGLNRE FLLNKMALTL60
VPRNWNPPQRS YTGDNALIL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 611:

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWFLQ60
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

- (A) LÄNGE: 395 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 612:

APMRPERPR RGSAPGPMET PPWDPARND LPTLTTPAVP PYVKLGTLTV YTVFYALLFV 60
FIYVQLWLVL RYRHKRLSYQ SVFLFLCLFW ASLRTVLFSF YFKDFVAANS LSPFVFWLLY120
CFPVCLQFFT LTLMNLYFTQ VIFKAKSKYS PELLKYRLPL YLASLFISLV FLLVNLTCAV180
10 LVKTGNWERK VIVSVRVAIN DTLFVLCVAVS LSICLYKISK MSLANIYLES KGSSVCQVTA240
IGVTVILLYT SRACYNLFIL SFSQNKSVHS FDYDWINVSD QADLKNQLGD AGYVLFVGVVL300
FWWELLPTTL VVYFFRVRNP TKDLTNPGMV PSHGFSPRSY FFDNPRRYDS DDDLAWNIA360
QGLQGGFAPD YYDWGQQTNS FLAQAGTLQR LNFGS 395

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(A) LÄNGE: 213 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 613:

ARCAETPAGA AAASPDEAR ASPAARQRPR PDGDPVGPSPQRLAAAHAD PGRAPLREAW 60
PHRRRLHRVLR AALRVHLRAA LAGAALPPQA AQLPERLPLS LPLLGLPADR PLLLLLQRLR120
35 GGQFAQPLRL LAALLLPCVP AVFHPHADEL VLHAGDFQSQ VKIFSRITQI PVAPLPLGLPL180
HQPCFPVGEF NLCCAGKDGK LGEEGYRLCA SGH 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

40 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 614:

LGFENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPQGGPEEA 60
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE AKLHVGGHGR GQRGRQRVVA120
GWVPRRGLHR AGGAAARPGT LGPHRGSRPP PPPRGSPRIA P 161

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 615:

25 HKKTSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

- 30 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 616:

45 VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFHTIL KCLLENLHLF VPRCSSSIKP WAYFSVLLRP60
NFVGRGGQFC INIRYFVIHS PNLKLY 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

50

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 617:

RMLIQNCPPR PTKFGLRRTL KYAHGFIDEE HLGTKRCKFS SRHFKIVWKF KLEMLHRSVI60
MVKLVSTYKD KQVTHW 76

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 618:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

35 SRCRFCCRLS AAFPLPRMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPP1 SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSLQGSPA120
TPLSFLFFLV FLFRAGSSMT GCSTFFLDFI FFFAEDLGSS LMGMYSGAST LTGFFLLPFL180
GLLSMDLEGL EWPGRASPSW WIFFFFFFFP LCSLGLFRLP FLXPRLPVPH PSSPLXQVSP240
TSLASLASQN QGSWTEKAXG VLGPPFFPSC XFLSFLPTLV SSSPCLXVLG RFSPQRHGTW300
40 LEVTSXFFFS PLRNSKWPNT CFLRLGDFSV RLAGSVVSGS TCSSQRVLTLP FFFFFFFFTR360
GISGACPWAT LLXGGCSS 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 619:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

5 GTGSLGXRNQ XRKSPREHNG KVKKKKKIHQ EGDALPGHSG PSRSMESSPR KGSKKKPKVKV 60
EAPFYIPISD DPKSSAKKKM KSKKKVEQPV IEEPALKRKT RKKRKESGVA GDPWREETDT120
DLEVVLKKG NMDEAHIDQV RKKALQEEID RESGKTEASE TRKWTGTQFG QWDTAGFENE180
10 DQKLKFLRLM GGFKNLSPSF SRPASTIARP NMALGKKAAD SLQQNLQRDY DRAMSLEVQP240
GSR LAVFSTA PNKIFYIDRN ASKSVKLED 269

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 620:

15 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

30 VRVCFLPPRV SCYPTLFPLL PRLPFQSWLL DDWLLYLLFG LHLFLCGGLR VITYGDVFRS 60
LNF DWLLFTS FPRAALHGPG GLGVAWEGIS LLVDFFFLH LPIVFSGALP XSVSXPKAAC120
SSSFFPTXAS VPNIPLPGL TEPRVLDREG XWGPGXPFFS FLXFFELLAN SGFLLTLXG180
XGEVFTPEAW DMARGDFLXF LFPTEELQVA KHLLEAG 218

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 621:

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNP GPPSSLR RAFRRRELPF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHTWSV KLDEHIIPLG180
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLTDFTTA YYRLITHLG LPQWQYAFTS300
YGISPQAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPESV FKSNNKIVIP KKKGPVQAPAG360
5 GQKGPSPGSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 622:

- 10 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

25 ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGFALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 623:

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

45 RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSG DDASSMARD RDSRAAGAGG60
GPDPAAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 624:

- 50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

15 CCTEHRWPAS MPPQLQETRM NRSIPVEVDE SEPYPSQLLK PIPEYSPEEE SEPPAPNIRN 60
MAPNSLSAPT MLHNSSGDFS QAHSTLKLAN HQRPVSRQVT CLRTQVLEDS EDSFCRRHPG120
LGKAFPSGCS AVSEPASESV VGALPAEHQF SFMEKRNQWL VSQLSAASPD TGHDSKSDQ180
SLPNASADSL GGSQEMVQRP QPXQEPSRPG SANHRHGI 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 625:

20

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

35

NLQITSGLYP GRSPACALKF WRTVKTVSAG DTQAWAKLSL LGALQSASLR LSLWLEPSLQ 60
SISFHLWKNV INGWYLSFQR LLLTLAMTQT NQTKVYLMPO QTPWAVARRW CNGPSLHRNR120
AGLDLPTIDT GYDSQPQDVL GIRQLERPLX LTSVCYPQDL PRPLRSREFF QFEPQRYPAC180
AQMPPNLSL HAPWNYHYHC PGSPDHQVXI WP 212

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 630:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

5 FMINVSFFFF LAAGRGKEEE MGCDGSKAGK VSHGPQTPFP PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ 60
QGFSFYQREM WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVFSQV120
KINICIYNLY YCYIFVDNTE RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SLLRWGPWYG KTPRYNVTSP180
QPLY 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 631:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

30 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKE TFIMNQOGFS PYQREMWKEL KKPPFVPNST 60
LPIFYATQTL SFWVPFLQMD LLRRIIVFHV ESPQVTKINI CIYNLYCYI FVDNTERWCW120
VIYYNLNLGI SFGLPQSC 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 632:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

50 WVKGRKGKPW SSNPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPIR F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 633:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

RNHAKIQ LPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSGMV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWFK XHDAIAXERP SKDSGLPGLE N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 634:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

LRNCPVQRP TFPFAPHLFR TPLHTLQPPK VPGSGFLHPA AATNANSLNS TFSVLPQRF60
QFQQHRAVYN SFSFPGQAAR YPWMAFPXQ 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 635:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

FIQFSRPGSP LSLDGLSXAI ASCXLNHTAN PTSNSNFLDL NLPPQHNTGL GGIPVAGEEE60
VKVSTMPLST SSHSLQQGQQ PLSLHTTVA 89

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
umfassend
- 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126 und
Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-
Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten
Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1 - 126 und
20 Seq. ID No 531-552, 554, 555 oder eine komplementäre oder allelische Variante
davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-
25 552, 554, 555, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht
exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre
30 chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis
Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel
zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6
genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß
sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 10 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 20 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 30 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 35 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 40 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
- 45 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Endometriumtumor.
- 5 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.
- 10 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 15 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 30 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

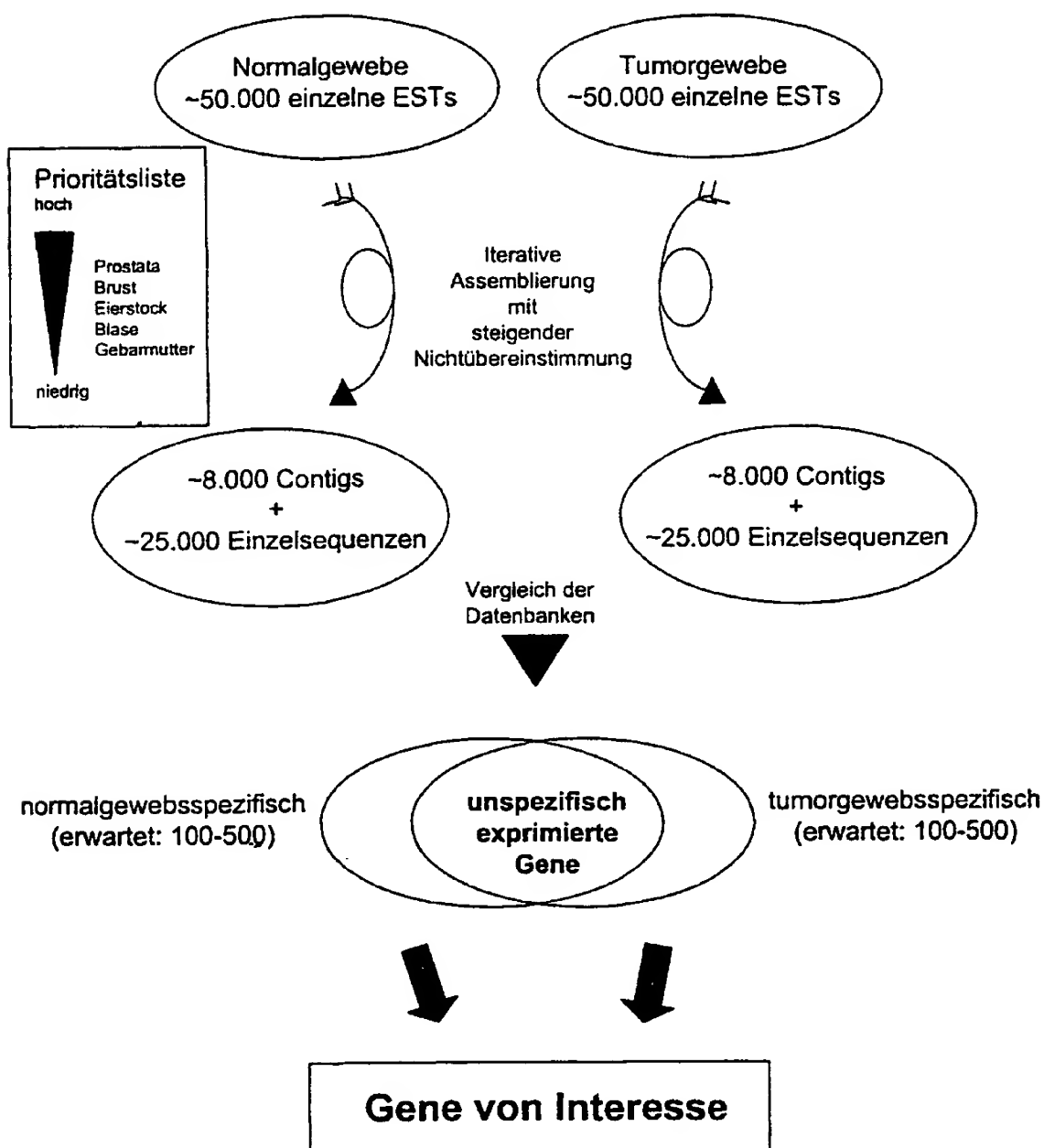


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

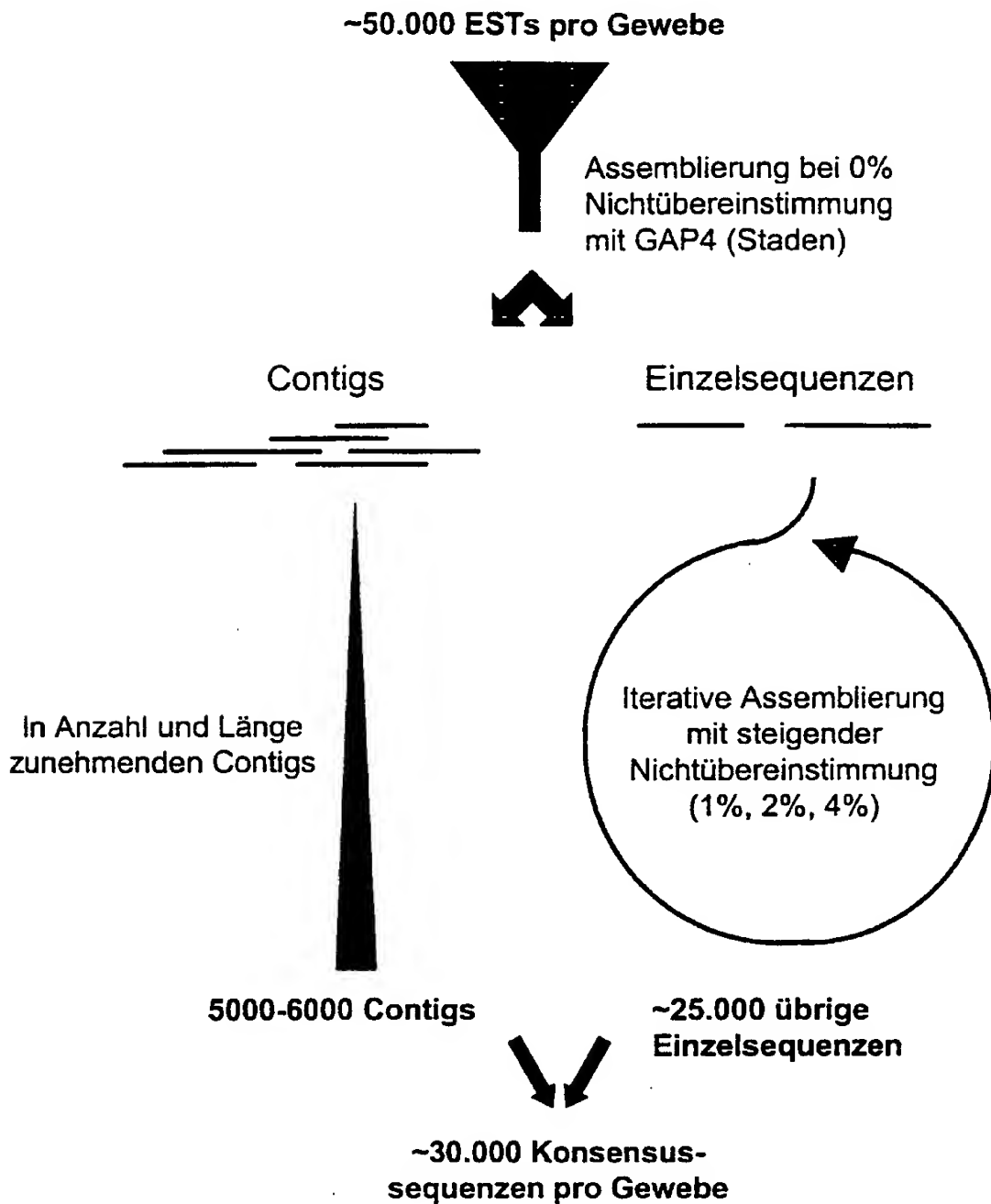


Fig. 2a

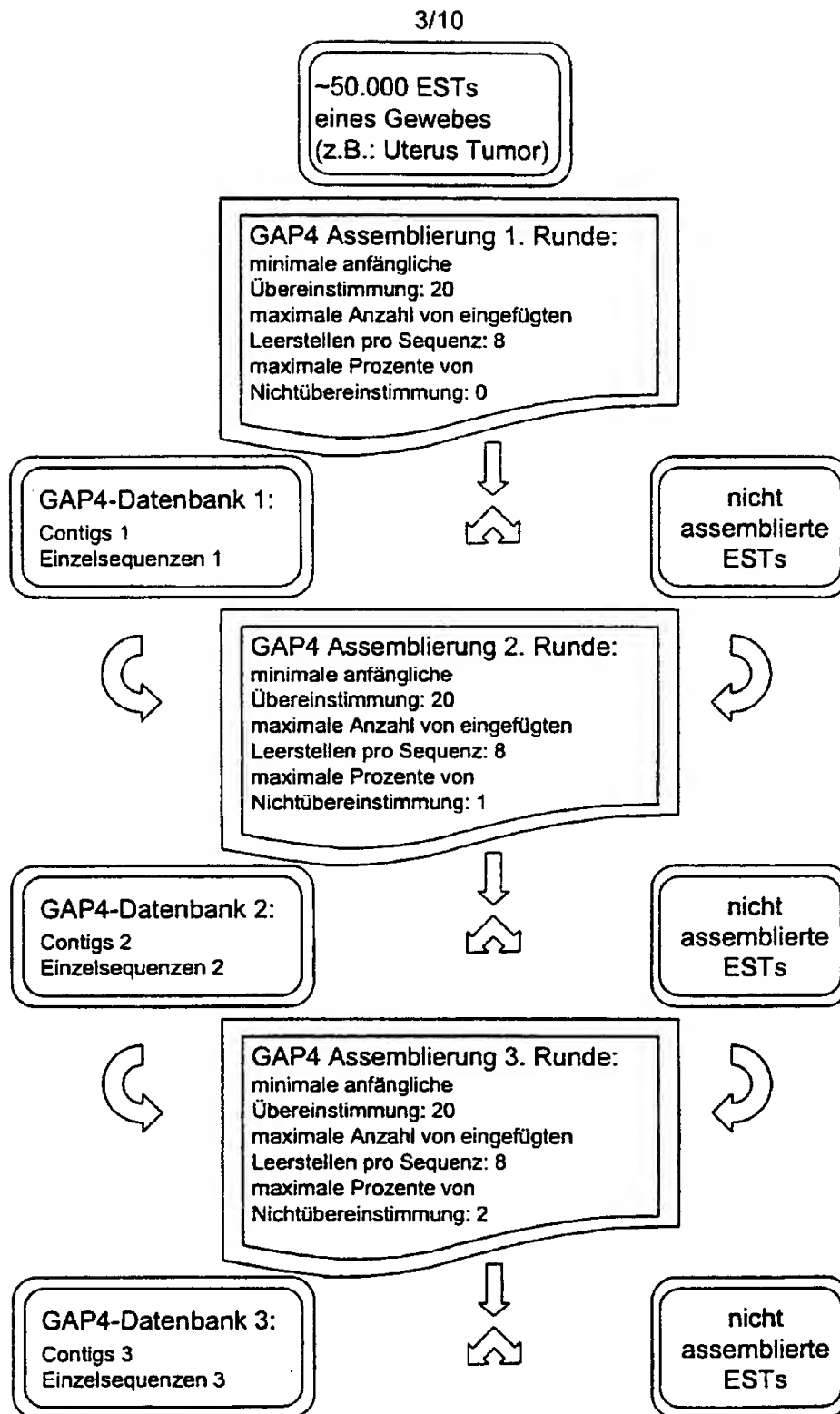


Fig. 2b1

4/10

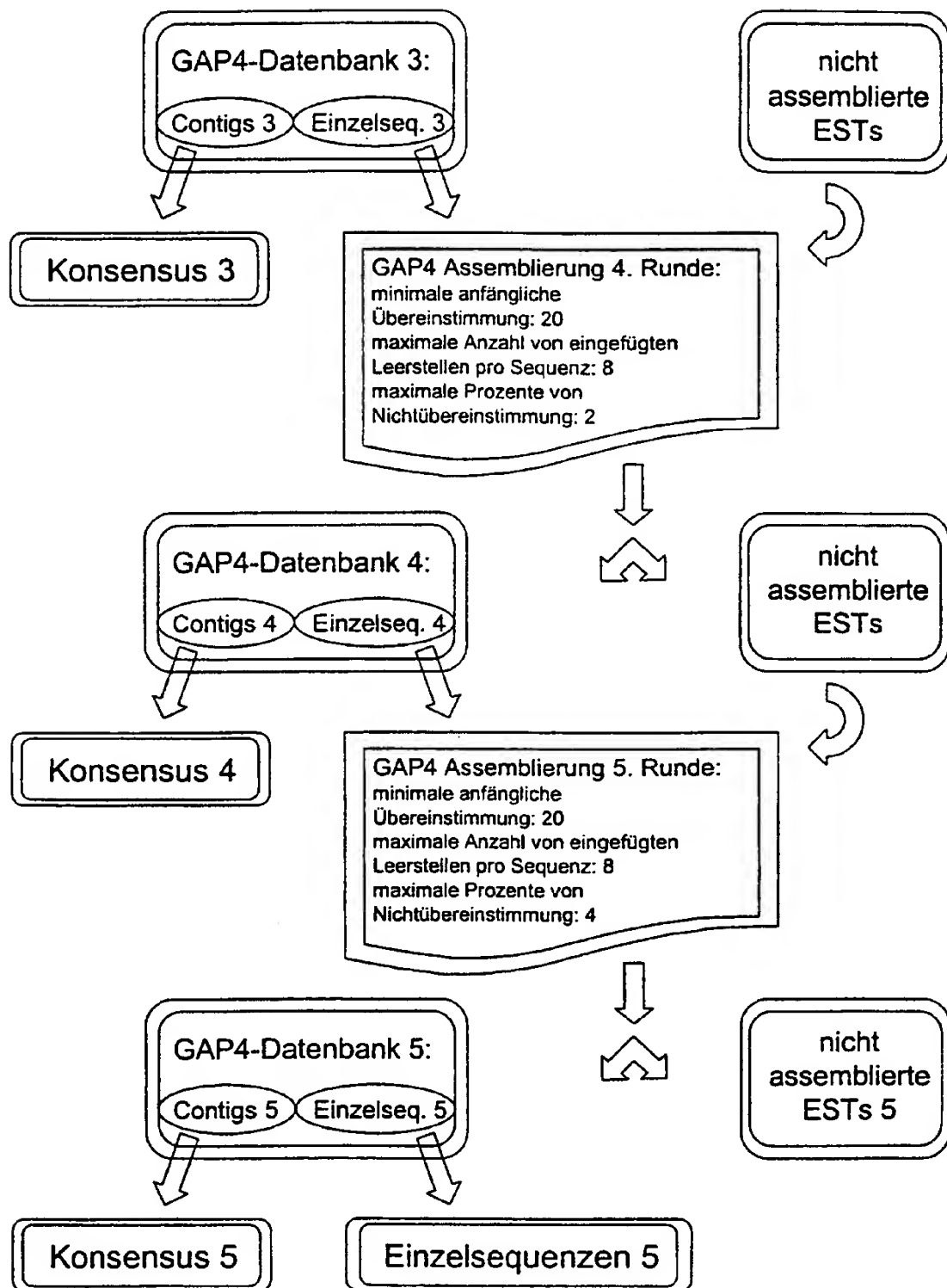


Fig. 2b2

5/10

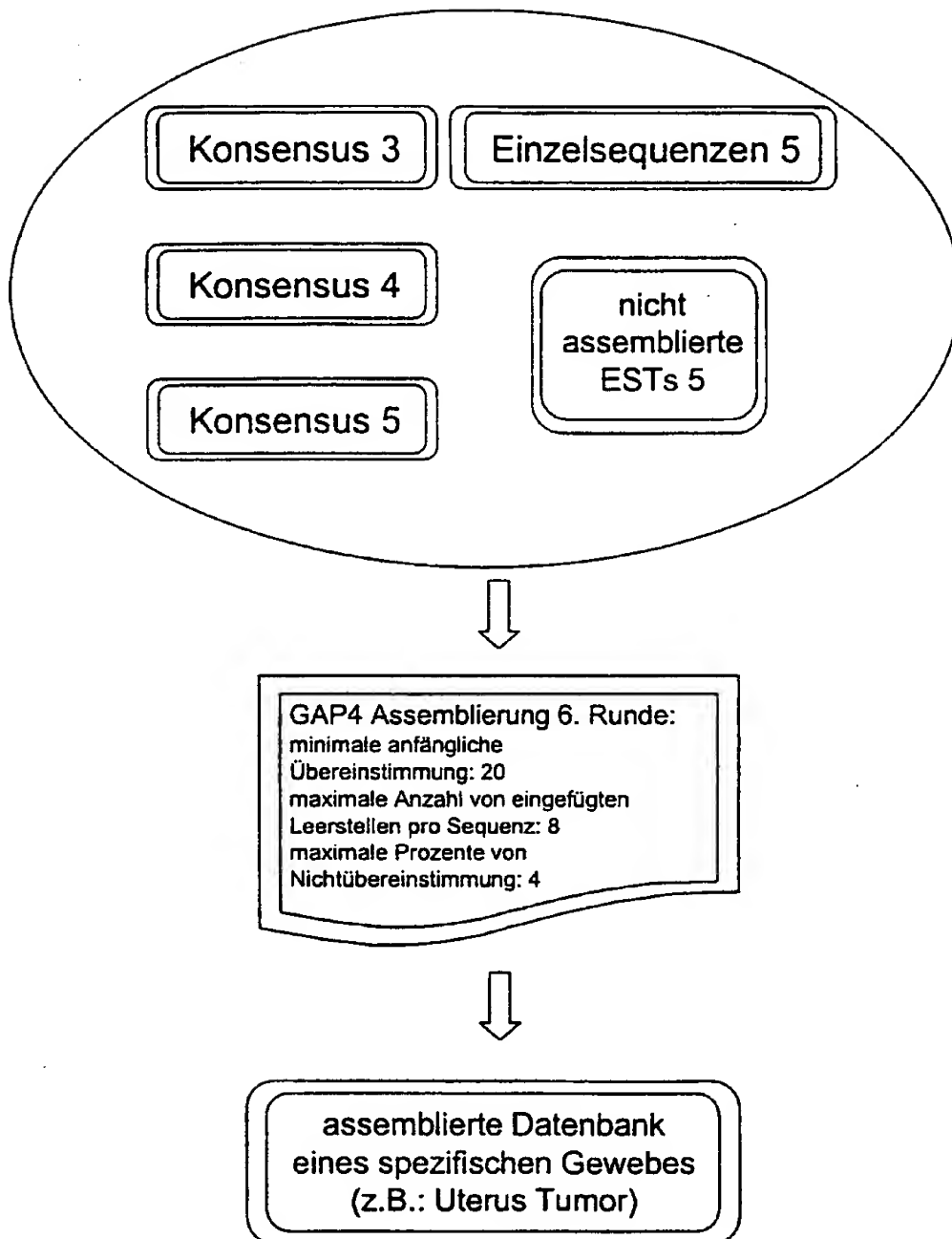


Fig. 2b3

6/10

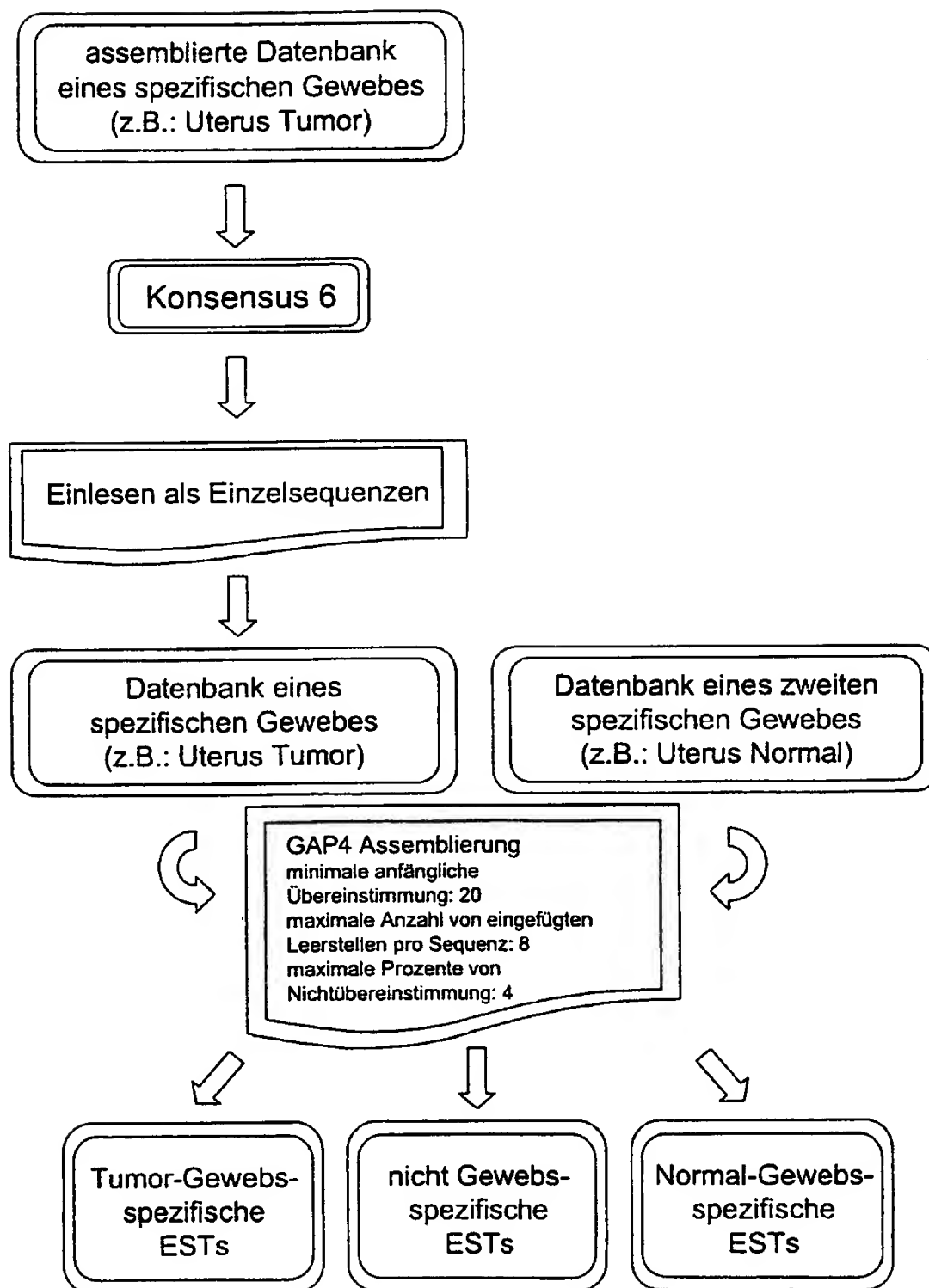


Fig. 2b4

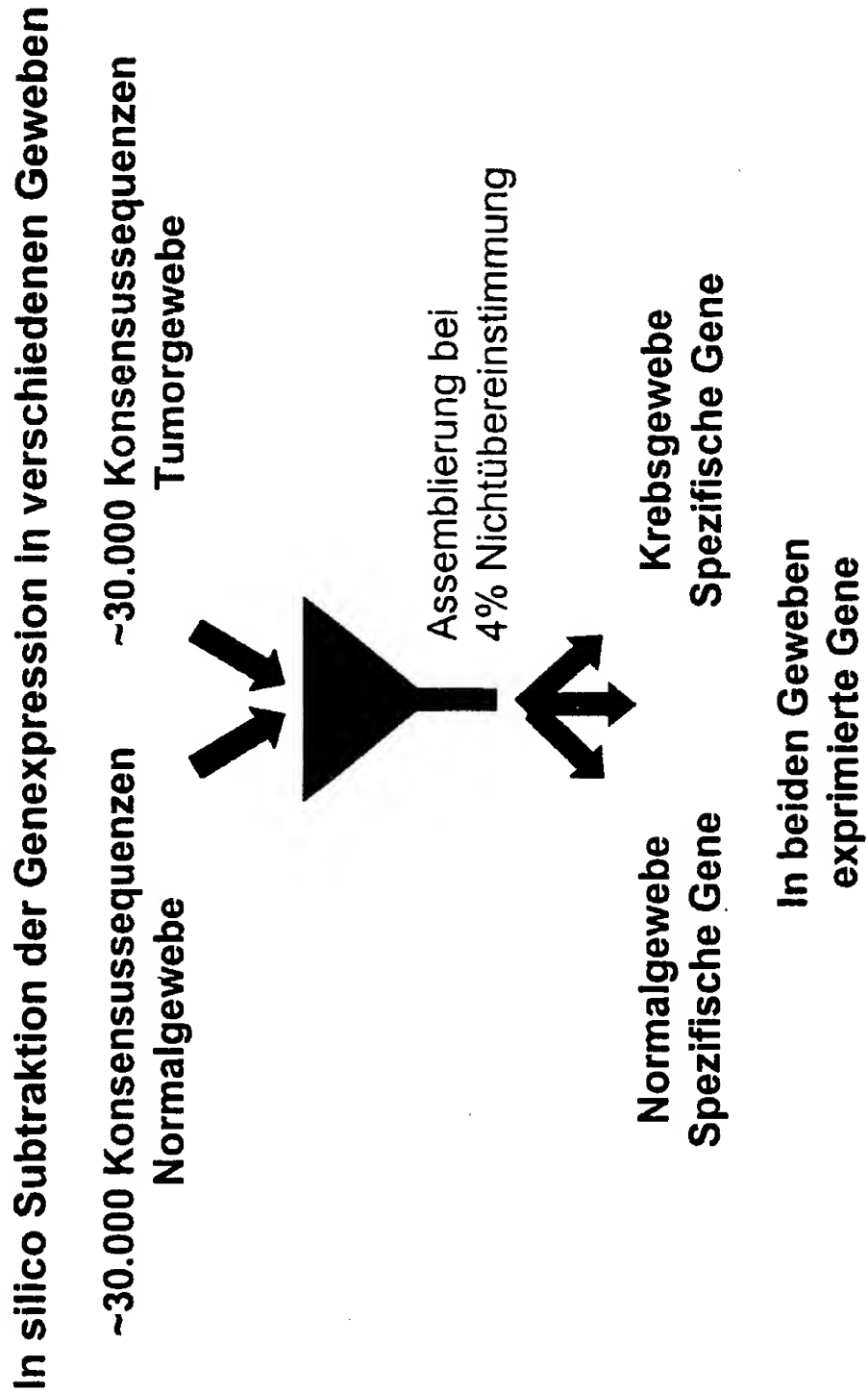


Fig. 3

8/10

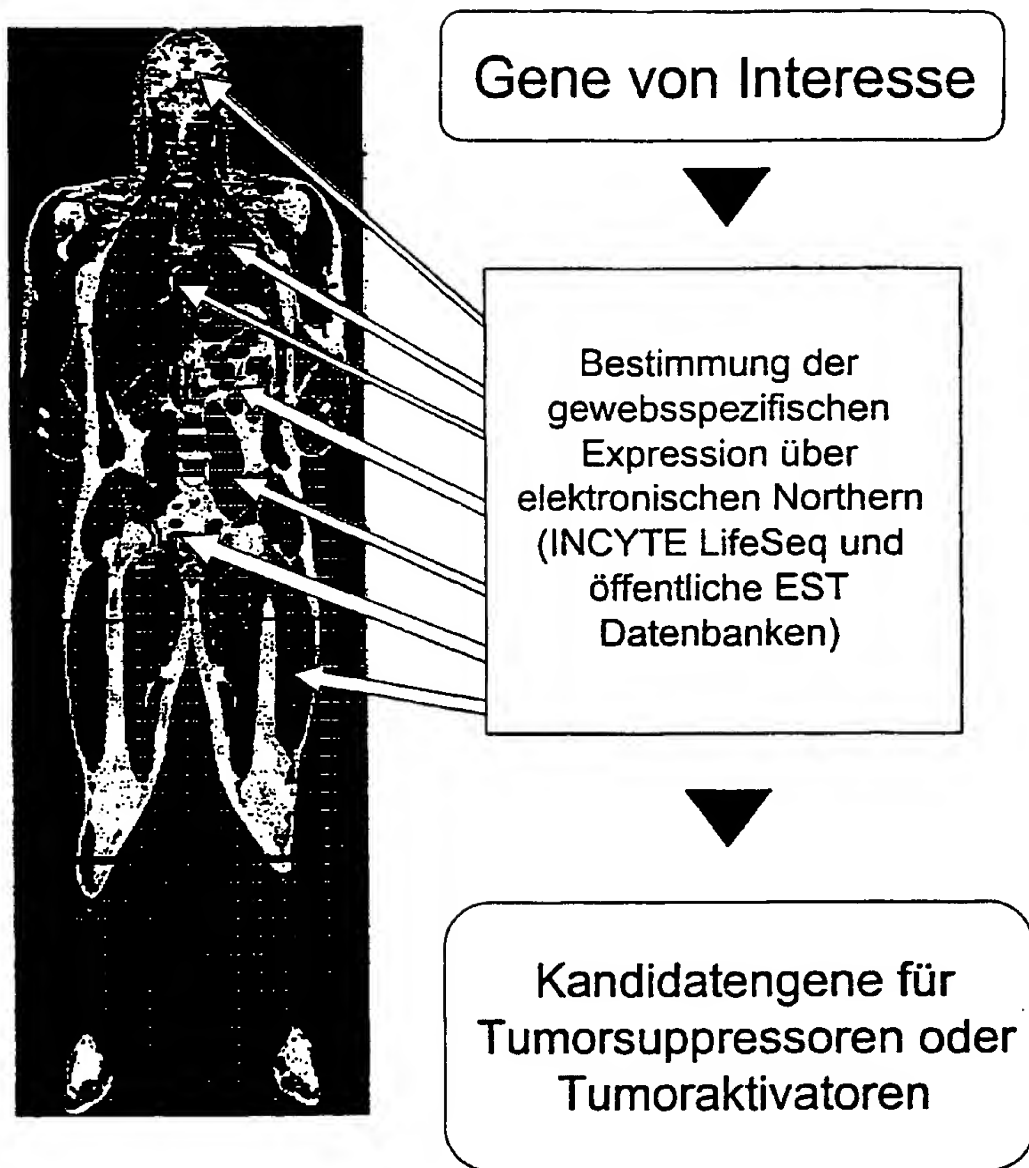


Fig. 4a

9/10

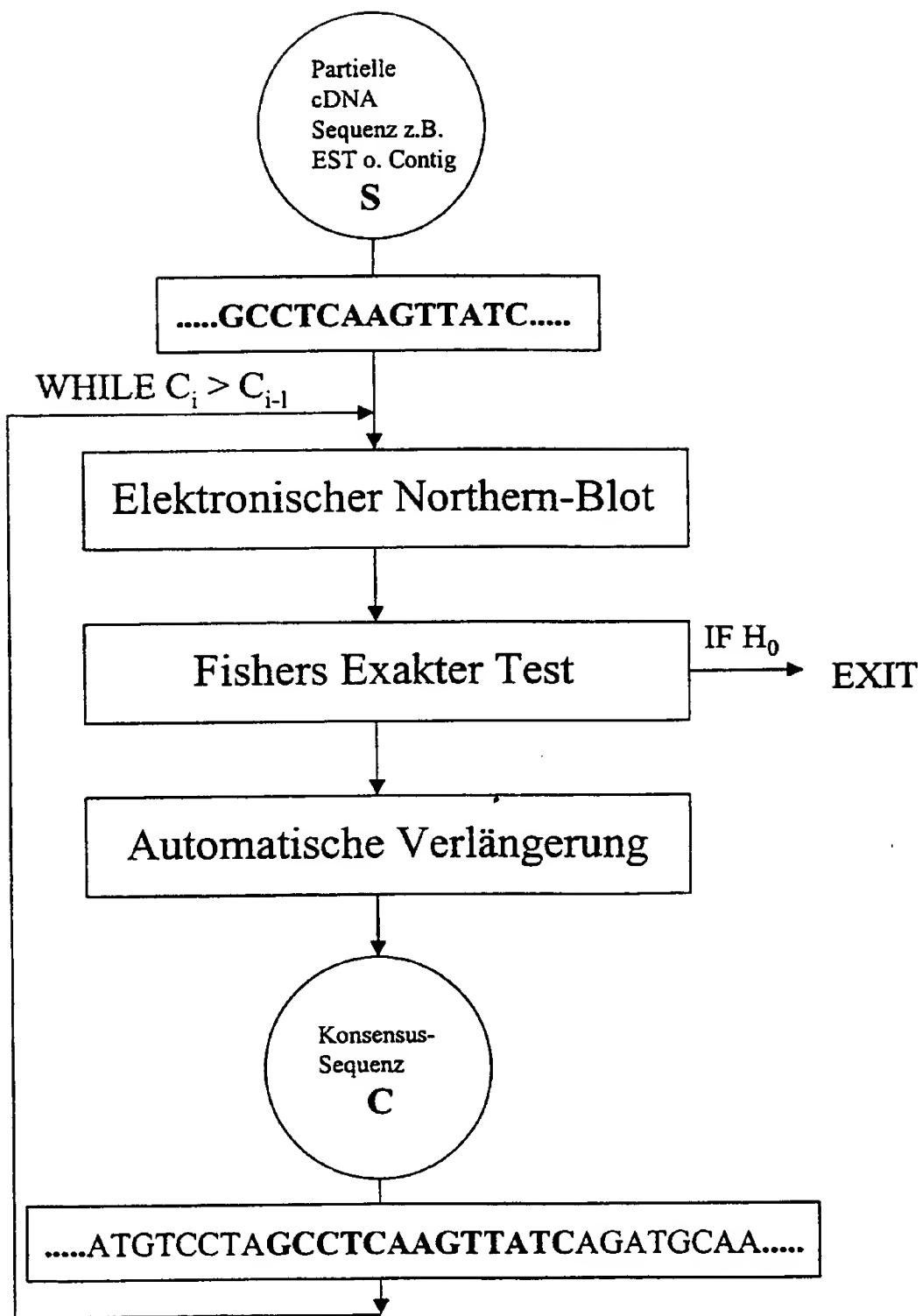


Fig. 4b

10/10

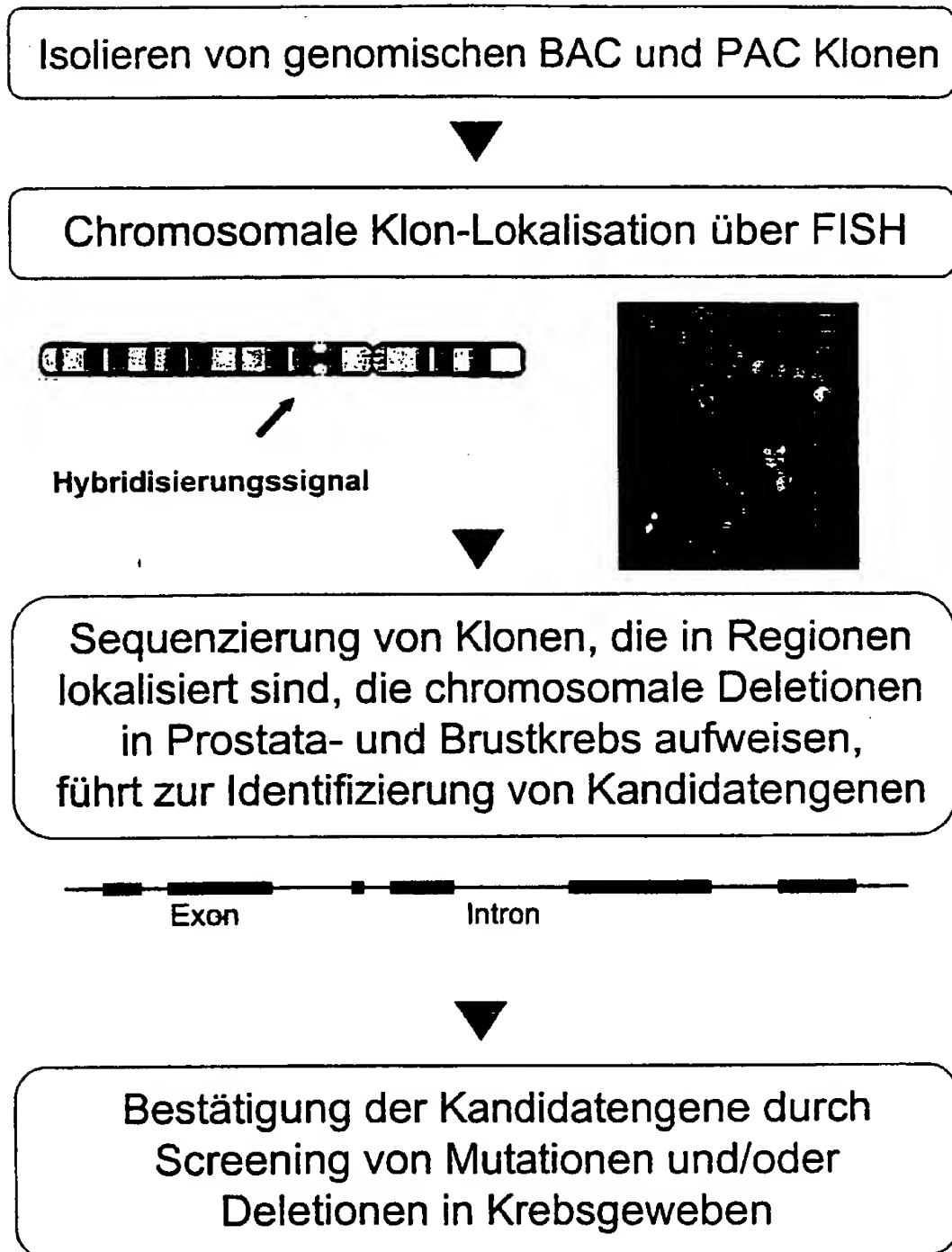


Fig. 5